ISSN 0022-4847

台灣農業研究

第五十九卷　　第二期

研究報告

一種簡單經濟的洋香瓜葉面積估算技術
吳惠卿、陳烈夫、魏夢麗、呂秀英 71
台灣芭蕉倍數性的研究
邱輝龍、陳榮芳、許圳塗、張淯茱 78
水稻抗白葉枯病基因同義密碼子使用偏性之影響因素探討
魏夢麗、鍾依涵、呂椿棠、呂秀英 86
糯質玉米自交系籽粒種皮厚度之變異
謝光照 103
超甜玉米自交系籽粒種皮厚度之變異與組合力分析
劉紹國、謝光照 112
銀耳多醣於改善便秘之動物模式評估
陳鯤兆、吳昭慧、廖俊旺、楊淑惠 126

研究簡報

殺蟲劑對檬果小黃薊馬 (*Scirtothrips dorsalis* Hood) (Thysanoptera: Thripidae) 之毒效
邱一中、林鳳琪、石憲宗、王清玲 134

台灣農業

中華民國九十九年六月
行政院農業委員會農業試驗所出版
中華民國 台灣 台中縣 霧峰鄉

A Simple and Inexpensive Technique for Estimating Leaf Surface Area of Muskmelon (*Cucumis melo* L.) [1]

Hui-Chin Wu[2], Lit-Fu Chan[3], Meng-Li Wei[4], and Hsiu-Ying Lu[5,6]

Abstract

Wu, H. C., L. F. Chan, M. L. Wei, and H. Y. Lu. 2010. A simple and inexpensive technique for estimating leaf surface area of muskmelon (*Cucumis melo* L.). J. Taiwan Agric. Res. 59:71–77.

Leaf area is a valuable index in identifying muskmelon (*Cucumis melo* L.) growth and development. A simple technique was developed for estimating leaf surface area (A) of muskmelon with measurements of leaf length from the sinus base to the apex of leaf along midrib (L) and/or maximum leaf width (W) without the use of any expensive instruments. Leaves for three muskmelon varieties, Chioumih, Zhufen and Tianhun were collected from different levels of the canopy of plants during the growing season in 2007 at Taiwan Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung, Taiwan. Each leaf was measured for L, W and A. Data analysis were performed by regression technique. Results showed that differences in leaf shape among these varieties affected the performances of prediction accuracy in different models for leaf area estimation. The linear equations having W^2 as the independent variable provided the most accurate estimation of A for Chioumih and Zhufen muskmelons, with leaf area coefficients of 0.70 and 0.62, respectively. For Tianhun muskmelon, the equation of $A = 0.67 \times L \times W$ exhibited the highest accuracy of leaf area estimation, and the equations of $A = 0.62 \times L^2$ and $A = 0.71 \times W^2$ could also be adopted. With these models, a high degree of 1:1 relationship was obtained between measured and predicted leaf areas, and they produced satisfactory results of lower mean squared deviation (in the range of 451 to 762), lower percentage of deviation for total leaf area (≦1.34%), and lower mean percentage of deviation for individual leaf area (≦0.25%). The linear regression model was simple, rapid, inexpensive and accurate for estimation of leaf surface area of muskmelon and nondestructive to plant growth.

Key words: Surface leaf area, Nondestructive estimation, Linear regression model, Leaf shape, Prediction accuracy.

Introduction

Muskmelon (*Cucumis melo* L.) is an important specialty fruit crop in Taiwan. It is a species of melon that has been developed into many cultivated varieties. The common varieties grown in Taiwan are Chioumih, Zhufen and Tianhun, which are noted for their sweet, juicy, musky-scented and strongly netted-rind. Chioumih muskmelon is an early mature variety, 10–15 days earlier than Zhufen and Tianhun. The fruit of Chioumih is

1. Contribution No.2397 from Taiwan Agricultural Research Institute (TARI), Council of Agriculture. Accepted: May 12, 2010.
2. Assistant Researcher, Farm Management Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
3. Assistant Researcher, Biotechnology Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
4. Assistant Researcher, Crop Science Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
5. Secretary General, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
6. Corresponding author, e-mail: iying@tari.gov.tw; Fax: (04)23302801.

oval-shape with light-yellow skin and honey-white flesh, whereas the fruit of Zhufen and Tianhun are round-shape with green skin and orange flesh. In Taiwan, muskmelon plants are grown in nethouse or in simple-structured greenhouse rather than in open fields in order to ensure production of high-quality marketable fruits.

Leaf area is a valuable index in identifying growth, photosynthesis, transpiration, light interception, and energy balance of muskmelon (Cohen *et al.* 1999; Russo *et al.* 2002; Shih 2002). Like other crops, measuring the surface area of a large number of muskmelon leaves can be time consuming. Detached leaf methods such as tracing, blueprinting, photographing, or using a conventional planimeter, have been used for measurement of surface area of leaves but these techniques are harmful to plants. Thus, nondestructive leaf area measurement methods are more desirable because continual use of the same plants over time can reduce the variability of the experiments, compared to the destructive sampling methods using detached leaves. Leaf surface area of watermelon (*Cucumis melo* L.) plants can be measured accurately and nondestructively by using digital photos with image measurement software (Lopes *et al.* 2007), but the processing procedure is time consuming, and the image analyzing facilities are expensive and unaffordable, especially in developing countries. Therefore, developing an inexpensive, rapid, reliable and nondestructive method for measuring leaf surface area of muskmelon is paramount to horticulturists.

The use of equations that require measurement of leaf dimensions, length (L) and/or width (W), as input for predicting the leaf surface area eliminates the need for expensive equipments such as image analyzer or leaf area meters. These methods have been used in numerous horticultural plants (Robbins & Pharr 1987; Chirinos *et al.* 1997; Montero *et al.* 2000; Nascimento *et al.* 2002; Lu *et al.* 2004; Blanco & Folegatti 2005; Cittadini & Peri 2006; Rouphael *et al.* 2006; Cristofori *et al.* 2007; Peksen 2007; Rouphael *et al.* 2007). Chirinos *et al.* (1997) reported that the individual leaf area of field grown ‘Durango’ hybrid melon (*Cucumis melo* L.) could be estimated by the logarithmic form of the gamma equation of $\ln A = a + bW + c\ln W$, or by the quadratic equations of $A = a + bW + cW^2$ or $A = a + bW^2$ (where A is leaf area per leaf, W is maximum leaf width, ln is natural logarithmic transformation, and a, b, c are constants). Nascimento *et al.* (2002) pointed out that the leaf area of Gold Mine melon (*Cucumis melo* L.) could be estimated from the exponential equation of $A = aW^b$. However, these models with more than one constant are too complicated for horticulturists. We need a simple equation for nondestructive leaf surface area estimation in muskmelon. In addition, leaf length alone can be used to estimate the area of nonexpanded leaves as it is very difficult to measure width of such leaves (Lu *et al.* 2004). The equation of a constant × leaf width × leaf length has been successfully used for estimation of leaf area in many crops (Robbins & Pharr 1987; Montero *et al.* 2000; Ogoke *et al.* 2003; Lu *et al.* 2004; Blanco & Folegatti 2005; Cittadini & Peri 2006; Rouphael *et al.* 2006; Cristofori *et al.* 2007; Peksen 2007). The objectives of this study were to develop a simple, accurate, nondestructive and time-saving model for leaf area estimation in muskmelon, and to analyze variations of leaf area coefficients among three tested varieties.

Materials and Methods

Data acquisition

Three muskmelon varieties, Chioumih, Zhufen and Tianhun were used in this study. The experiments were conducted in a nethouse at the Taiwan Agricultural Research Institute (TARI), Wufeng, Taichung, Taiwan. Sterilized seeds were sowed in 72-cell soil plugs on 29 Jan. 2007 and seedlings were transplanted into 80-L (95 cm × 60 cm × 17.5 cm) nourishing substrates in soil bags (Klasmann potgrond H; Klasmann-Deilmann GmbH, Geeste-Groß Hesepe, Germany) at 30 days after sowing. Each variety was planted in 16 bags, two plants per bag at 40 cm apart. The planting bags were placed in a randomized complete block design with 4 replications. The row spacing was 15 cm. Each bag received 5 g of 15-15-15-4 (N-P_2O_5-K_2O-MgO) compound fertilizer every 10 days within 1 month after transplanting and again 10 g of the same compound fertilizer every 15 days thereafter until harvest. Irrigation was scheduled only once every 5–7 days for young plants, requiring an estimated 1.5 L per bag. After fruit starting to expand, the plants were watered every 3 days, requiring an estimated 2 L per bag. Plants were kept free from weeds, insects, and diseases by proper culture managements.

For each muskmelon variety, a total of 100 leaves varied in size from large to small were selected randomly and removed from different levels of the canopy of plants during the growth period before harvest. After removal, surface area of each leaf (A) was measured immediately using an area meter (LI-3100; LICOR, Lincoln, NE, USA) calibrated to 0.01cm^2. In addition, length from the sinus base to the apex of leaf along midrib (L) and maximum width (W) of each leaf were measured to the nearest 0.1 cm. The quantity descriptors of a muskmelon leaf for the varieties, Chioumih, Zhufen and Tianhun, were shown in Fig. 1. The leaf shapes of these varieties were somewhat different. Leaves of Tianhun muskmelon were heart-shape with two rounded lobes, while leaves of Chioumih and Zhufen muskmelon were kidney-shape with four to eight lobes. Lobe depth also varied with variety,

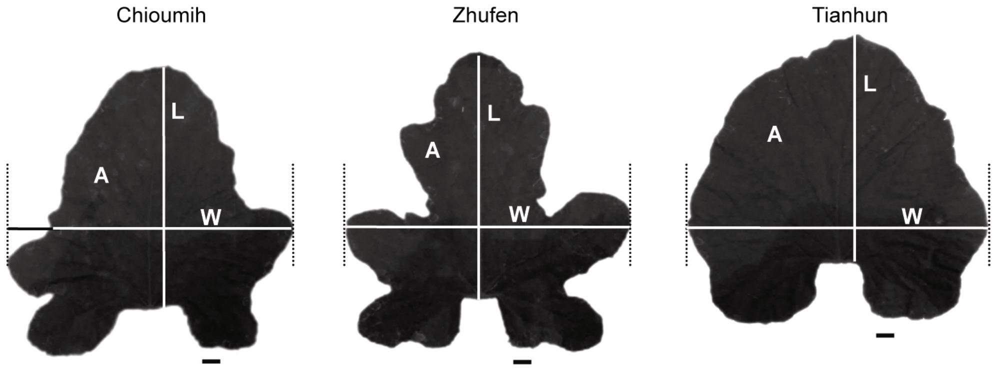

Fig. 1. Diagram of a muskmelon leaf showing positions of quantity descriptors for the varieties, Chioumih, Zhufen and Tianhun. (A, leaf area; L, leaf length from the sinus base to the apex of leaf along midrib; W, maximum leaf width).

harsh textured leaves for Zhufen and soft textured leaves for Chioumih and Tianhun. For all varieties, the leaf sinus and the point of petiole attachment were coincident. The tips of the smooth arcs of leaf lobes were generally difficultly determined for the three muskmelon varieties, which resulted in high variations of the measurement of maximum leaf length. Therefore, maximum leaf length as a dimension factor in predicting the area of muskmelon leaves was not used in this study. In addition, measurement of leaf length from the sinus base to the apex of leaf along midrib is easier than the maximum leaf length because it could be measured directly by connecting two well-defined points. The W was measured from end-to-end between the widest lobes of the leaf perpendicularly to the midrib.

Model calibration and validation

This study examined the relationship between A and L and/or W dimensions in an attempt to identify appropriate equations for use in models for the estimation of leaf surface area of muskmelon. The data of the total observations from each variety was randomly split into two halves. The first half was used to calibrate the model, and the other half was used for validation. Linear regression equations passing through the origin were fitted and evaluated for each variety using alternatively the length, the width and their product as independent variables from the calibration data. Mean squared error (MSE) and the values of regression coefficients (K) were estimated and the final equation was selected based on the combination of the highest coefficient of determination (R^2) and lowest MSE. The validation data were used to compare the leaf area predicted from different models against measured leaf area for each variety. Data of measured area (Am) and predicted area (Ap) per leaf were used to fit a linear equation. The slopes were tested to see if they were significantly different from the slope of the 1:1 correspondence line (Dent & Blackie 1979). The statistics, mean squared deviation (MSD), percentage of deviation for total area (D), and mean percentage of deviation for individual leaf area (MD) were also calculated on total leaf area basis and used to quantify the model measurement discrepancy (Whisler *et al*. 1986; Lu *et al*. 2004):

$$\mathrm{MSD} = \sum_{i=1}^{n} (\mathrm{Am_i} - \mathrm{Ap_i})^2 / n$$

$$\mathrm{D} = \left|\sum_{i=1}^{n} \mathrm{Am_i} - \sum_{i=1}^{n} \mathrm{Ap_i}\right| / \sum_{i=1}^{n} \mathrm{Am_i} \times 100$$

$$\mathrm{MD} = \left(\sum_{i=1}^{n} |\mathrm{Am_i} - \mathrm{Ap_i}| / \sum_{i=1}^{n} \mathrm{Am_i}\right) / n \times 100$$

where n is the number of leaves included in calculation. All the statistical analyses were conducted using PC Version 9.1 of the Statistical Analyses System for Windows (SAS Institute Inc. 2004).

Results and Discussion

The leaf area coefficients K in different regression models were estimated by the calibration data for each of the three varieties of muskmelon. All of the regressions were highly significant ($P < 0.01$), and all of the R^2 exceeded 0.97 (Table 1). Based on the selection criteria of highest R^2 and lowest MSE, the equations of $A = K \times W^2$ provided the most accurate estimation of surface area per leaf for Chioumih and Zhufen muskmelons, with K values of 0.70 and 0.62, respectively. The length-width model had slightly higher MSE values than the width model, but doubled the time required for leaf measurement. Therefore, the model involved one variable was preferable because of its simplicity and convenience. As stated by Robbins & Pharr (1987), model selection requires a balance between predictive qualities of the model and the economy of including the least number of variables necessary to predict A. For Chioumih and Zhufen muskmelons, the models with only leaf length

were less acceptable for estimating A, due to their higher MSE values. On the other hand, for Tianhun muskmelon, the length and length-width models showed lower MSE values than the width model. A best fit was achieved using $A = 0.67 \times L \times W$ than using other equations. The equation of $A = 0.62 \times L^2$ could be adopted, because it required one measurement per leaf. Length from the sinus base to the apex of leaf along midrib was generally easier to measure than maximum leaf width because it did not need to consider the line perpendicular to the leaf length. In addition, leaf length alone can be used to estimate the area of nonexpanded leaves as it is very difficult to measure width of such leaves. The width model of $A = 0.71 \times W^2$ for Tianhun muskmelon might be an alternative for the purpose of finding a consistent form of equation across varieties.

Comparisons between measured and predicted leaf area from the validation data using three models for Chioumih and Zhufen showed all good fits ($R^2 > 0.98$) in regression analysis, but only the width models were not significantly different from the 1:1 line ($P > 0.05$) (Fig. 2). Moreover, the predicted areas from width models were very close to the measured areas (Table 2). From the test results of prediction accuracy, the width models for Chioumih and Zhufen muskmelons provided more accurate estimates of leaf area than the other models, giving lower values of MSD (632 and 608, respectively), D (≦ 1.34%) and MD (≦ 0.18%). The length and length-width models for Chioumih and Zhufen showed a significant underestimation of 4.1–7.7% in predicting leaf area (Fig. 2). There were very close relationships between measured and predicted leaf area in all three models for Tianhun muskmelon (Fig. 2), producing satisfactory results of lower values of MSD (in the range of 451 to 762), D (between 0.26 and 0.67%) and MD (≦ 0.25%) (Table 2). Among the models, the model using $L \times W$ as independent variable had the highest prediction accuracy. Good accuracy was also obtained using the model with L alone, due to its lower D (0.27%), but the width model had a lower MSD than the length model.

Conclusion

The leaf surface area of muskmelon can be accurately estimated using simple linear regression models without the use of any expensive instruments, such as leaf area planimeter or digital photos with image measurement software. Various equations relating leaf length and/or width to leaf area applied in different muskmelon varieties had different performances in prediction accuracy, depending on the variation of leaf shape. All the models using length, width or their product could be used satisfactorily in the area estimation of Tianhun

Table 1. Estimated values of the leaf area K coefficients, standard error of K (SE_K), coefficients of determination (R^2), means square error (MSE) calculated by different models for muskmelon varieties Chioumih, Zhufen and Tianhun [z]

Model [y]	Chioumih				Zhufen				Tianhun			
	K	SE_K [y]	R^2	MSE	K	SE_K	R^2	MSE	K	SE_K	R^2	MSE
$A = K \times L^2$	0.74	0.016	0.979	926	0.68	0.010	0.989	545	0.62	0.011	0.986	454
$A = K \times L \times W$	0.73	0.011	0.989	499	0.65	0.007	0.994	289	0.67	0.011	0.988	403
$A = K \times W^2$	0.70	0.010	0.990	451	0.62	0.006	0.995	247	0.71	0.014	0.980	646

[z] 50 data points were used for each variety from the calibration data.
[y] A, leaf area; L, leaf length from the sinus base to the apex of leaf along midrib; W, maximum leaf width.

Table 2. Estimated values of the mean squared deviation (MSD), percentage of deviation for total area (D), and mean percentage of deviation for individual leaf area (MD) calculated by different models for muskmelon varieties Chioumih, Zhufen and Tianhun [z]

Model [y]	Chioumih			Zhufen			Tianhun		
	MSD [y] (cm)	D (%)	MD (%)	MSD (cm)	D (%)	MD (%)	MSD (cm)	D (%)	MD (%)
$A = K \times L^2$	2122	5.23	0.32	680	4.45	0.18	762	0.27	0.25
$A = K \times L \times W$	980	2.19	0.23	449	3.03	0.14	438	0.26	0.19
$A = K \times W^2$	632	1.23	0.18	608	1.34	0.17	451	0.67	0.18

[z] 50 data points were used for each variety from the validation data.
[y] A, leaf area; L, leaf length from the sinus base to the apex of leaf along midrib; W, maximum leaf width; K, leaf area coefficient.

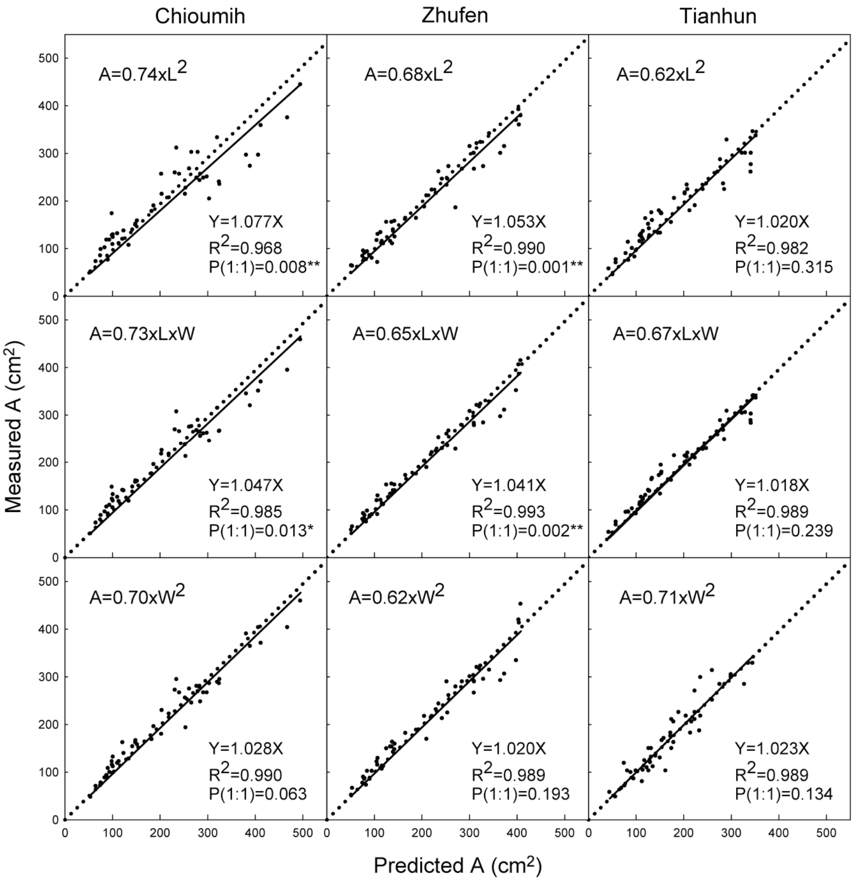

Fig. 2. Relationships between measured and predicted values of individual leaf areas of muskmelon from the validation data using different models for the varieties of Chioumih, Zhufen and Tianhun. Solid line represents linear regression line. Dashed line represents the 1:1 relationship between the measured and predicted values. P (1:1) is the probability that different from the 1:1 line. *, ** Significant at the 0.05 and 0.01 probability levels, respectively. 50 data points were used for each variety from the validation data. (A, leaf area; L, leaf length from the sinus base to the apex of leaf along midrib; W, maximum leaf width).

muskmelon, meaning that both width and length expansions increased the area expansion for a heart-shape leaf (Fig. 1). However, only the width model provided the highest accuracy in estimating the leaf area for Chioumih and Zhufen muskmelons with kidney shape and salient lobes (Fig. 1). This indicates that for a muskmelon leaf with kidney shape and salient lobes, the leaf area expansion is mainly determined by width (radial) expansion of the widest lobes.

Acknowledgements

The authors would like to thank Dr. H. C. Huang, Employed Research Advisor, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, for critical review and comments of this manuscript.

Literature cited

Blanco, F. F. and M. V. Folegatti. 2005. Estimation of leaf area for greenhouse cucumber by linear measurements under salinity and grafting. Sci. Agric. 62:305–309.

Chirinos, D. T., L. Chirinos-Torres, F. Geraud-Pouey, O. Castejón, R. E. Fernández, J. A. Vergara, L. E. Mármol, and D. Chirinos-Torres. 1997. Leaf area estimation models for 'Durango' hybrid melon. Rev. Fac. Agron. 14:163–171. (in Spanish with English abstract)

Cittadini, E. D. and P. L. Peri. 2006. Estimation of leaf area in sweet cherry using a non-destructive method. RIA 35:143–150.

Cohen, S., A. Schaffer, S. Shen, M. Spiegelman, Z. Ben-Moshe, S. Cohen, and M. Sagi. 1999. Light distribution and canopy structure in greenhouse muskmelon. Acta Hort. 507:17–24.

Cristofori, V., Y. Rouphael, E. M. Gyves, and C. Bignami. 2007. A simple model for estimating hazelnut from linear measurements. Sci. Hort. 113:221–225.

Dent, J. B. and M. J. Blackie. 1979. Systems Simulation in Agriculture. Applied Science Publishers, London. 180 pp.

Lopes S. J., B. Brum, V. J. dos Santos, E. B. Fagan, G. L. da Luz, and S. L. P. Medeiros. 2007. Estimate of the leaf area of melon plant in growing stages for digital photos. Ciência Rural 37:1153–1156. (in Portuguese with English abstract)

Lu, H. Y., C. T. Lu, M. L. Wei, and L. F. Chan. 2004. Comparison of different models for nondestructive leaf area estimation in taro. Agron. J. 96:448–453.

Montero, F. J., J. A. de Juan, A. Cuesta, and A. Brasa. 2000. Nondestructive method to estimate leaf area in *Vitis vinifera* L. HortScience 35:696–698.

Nascimento, I. B., C. H. A. Farias, M. C. C. Silva, J. F. Medeiros, J. Espínola Sobrinho, and M. Z. Negreiros. 2002. Estimation of melon plant leaf area. Hortic. Bras. 20:555–558. (in Portuguese with English abstract)

Ogoke, I. J., C. N. Egesi, and J. C. Obiefuna. 2003. A review of some non-destructive linear measurement procedures for leaf area determination in crops. Int. J. Agric. Rural Dev. 4:74–80.

Peksen, E. 2007. Non-destructive leaf area estimation model for faba bean (*Vicia faba* L.). Sci. Hort. 113:322–328.

Robbins, N. S. and D. M. Pharr. 1987. Leaf area prediction models for cucumber from linear measurements. HortScience 22:1264–1266.

Rouphael, Y., G. Colla, S. Fanasca, and F. Karam. 2007. Leaf area estimation of sunflower leaves from simple measurements. Photosynthetica 45:306–308.

Rouphael, Y., C. M. Rivera, M. Cardarelli, S. Fanasca, and G. Colla. 2006. Leaf area estimation from linear measurements in zucchini plants of different ages. J. Hort. Sci. Biotechnol. 81:238–241.

Russo, V., B. Bruton, and T. Popham. 2002. A quantitative model of melon (*Cucumis melon* var. *Cantalupensis*) plant development. p.393–403. *in*: Cucurbitaceae. (Maynard, D. N., eds.) ASHS Press, Alexandria, VA.

SAS Institute, Inc. 2004. SAS/STAT User's Guide. Version 9.1. SAS Inst. Inc., Cary, NC. 5136 pp.

Shih, S. C. 2002. Studies on the production of high quality of muskmelon in Penghu. III. The effects of leaf area above the fruiting node on the fruit growth and the quality of muskmelon (cv. Earl's) under simple structure greenhouse. Res. Bull. Kaohsiung DARES 14: 31–42. (in Chinese with English abstract)

Whisler, F. D., B. Acock, D. N. Baker, R. E. Fye, H. F. Hodges, J. R. Lambert, H. E. Lemmon, J. M. Mckinion, and V. R. Reddy. 1986. Crop simulation models in agronomic systems. Adv. Agron. 40:141–208.

一種簡單經濟的洋香瓜葉面積估算技術[1]

吳惠卿[2] 陳烈夫[3] 魏夢麗[4] 呂秀英[5,6]

摘 要

吳惠卿、陳烈夫、魏夢麗、呂秀英。2010。一種簡單經濟的洋香瓜葉面積估算技術。台灣農業研究 59:71–77。

葉面積是用來判斷洋香瓜生長發育的重要指標。本研究之目的在毋須使用任何昂貴的測量儀器下，以非破壞性取樣之方式，發展一個僅需測量葉片之長度及寬度的葉面積簡易估算模式。試驗材料為 3 個洋香瓜品種：天華 (Tianhun)、秋蜜 (Chioumih) 及朱芬 (Zhufen)，在農業試驗所 2007 年栽培期間取出各品種植株上各層植冠的葉片，測量其葉裂凹點至葉尖之主脈長 (L)、最大葉寬 (W) 及葉表面積 (A) 後，進行回歸分析 (regression analysis)。結果發現，3 個洋香瓜品種間的葉形迥異，影響了不同葉面積估算模式的預測準確度。針對秋蜜及朱芬兩個洋香瓜品種，回歸式中以 W^2 作為預測變數的葉面積估算模式具有最準確的預測效果，其估算係數分別為 0.70 及 0.62；而天華品種則以 $A = 0.67 \times L \times W$ 模式的預測準確度最高，其次 $A = 0.62 \times L^2$ 及 $A = 0.71 \times W^2$ 也在可接受誤差範圍內。這些模式所預測的葉面積與實測葉面積之間可達 1：1 關係，且其各種預測準確度統計量皆較低，如均方誤差在 451–762 之間、總葉面積誤差率≦1.34%、以及單葉面積平均誤差率≦0.25%。透過本研究所建立之線性回歸模式，可免於破壞植株生長，簡單、快速、經濟且準確地估算出洋香瓜的葉面積。

關鍵詞：葉面積、非破壞性估算、線性回歸模式、葉形、預測準確度。

---

1. 行政院農業委員會農業試驗所研究報告第 2397 號。接受日期：99 年 5 月 12 日。
2. 本所農場管理組助理研究員。台灣 台中縣 霧峰鄉。
3. 本所生物技術組助理研究員。台灣 台中縣 霧峰鄉。
4. 本所作物組助理研究員。台灣 台中縣 霧峰鄉。
5. 本所研究員兼主任秘書。台灣 台中縣 霧峰鄉。
6. 通訊作者，電子郵件：iying@ tari.gov.tw；傳真機：(04)23302801。

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 59(2):78–85 (2010)

台灣芭蕉倍數性的研究 [1]

邱輝龍[2,5] 陳榮芳[3] 許圳塗[4] 張淯茱[4]

摘　要

邱輝龍、陳榮芳、許圳塗、張淯茱。2010。台灣芭蕉倍數性的研究。台灣農業研究 59:78–85。

本研究證實台灣芭蕉 [*Musa formosana* (Warb.) Hayata] 的染色體數為 $2n = 22$，綜合先前形態特性調查資料，將台灣芭蕉歸類為 *Eumusa* 宗的二倍體野生種香蕉植物。以流式細胞儀測得台灣芭蕉體細胞核內 DNA 含量為 1.387 pg/2C，基因組大小約為 669.23 Mbp/2C，相較於尖蕉 (*M. acuminata*) 的 A 基因組與拔蕉 (*M. balbisiana*) 的 B 基因組大小，分別高出 18%與 26%。基因組大小的資料不僅可應用於不同物種的鑑定，尚可預測基因組間植株雜交後裔的基因組組成，而應用於雜交後裔的早期檢定。

關鍵詞：台灣芭蕉、染色體數、基因組大小、流式細胞技術、野生香蕉。

前　言

回顧人類從事作物遺傳改良的歷史，栽培作物的野生種及其近緣種 (crop wild and relatives, CWR) 扮演了舉足輕重的角色 (Harlan 1976; Stalker 1980; Hajjar & Hodgkin 2007; Heywood *et al.* 2007; Damania 2008)，其中本土性之作物野生近緣種更具有優勢。隨著經濟發展、人口增加與氣候變遷等，台灣地區許多野生種原的棲息地已遭破壞，益顯野生種原保育的重要性 (Yen 1995)。面對本土物種遺傳資源的快速流失，蒐集與保存本土作物野生近緣種是維持基因多樣性的方法之一。

建立完整且詳實的種原特性資料有助於種原材料的交換與鑑定，也是保護珍稀及本土遺傳資源的基礎 (Rogers *et al.* 1975; Engle 1994; Nakagahra 1994; Häkkinen *et al.* 2007b)。雖然分子標誌已廣泛應用於描述物種的遺傳特徵，然而形態特徵、染色體數及細胞核基因組大小仍是描述物種遺傳特性的基礎。台灣芭蕉 [*Musa formosana* (Warb.) Hayata] 是台灣原生的野生種香蕉植物 (Hayata 1917; Kao & Lai 1976; Ying 2000)，廣泛分布於台灣本島山區 (Liaw 1992; Chiu *et al.* 2004)，其植物學描述 (Kao & Lai 1976; Ying 2000) 與形態性狀資料已建立 (Chiu *et al.* 2004, 2007)，但其染色體數與細胞核基因組大小尚待確認。本研究發展芭蕉屬

1. 行政院農業委員會農業試驗所研究報告第 2398 號。接受日期：99 年 5 月 28 日。
2. 本所作物種原組助理研究員。台灣 台中縣 霧峰鄉。
3. 中央研究院植物暨微生物研究所研究員。台北市。
4. 國立台灣大學園藝系教授與前研究生。台北市。
5. 通訊作者，電子郵件：chl@tari.gov.tw；傳真機：(04)23331705。

(*Musa* L.) 植物高解析度染色體製備流程，觀察台灣芭蕉的體細胞染色體數，同時應用流式細胞技術 (flow cytometry) 檢測其細胞核基因組大小，建立其細胞學特性資料，做為保護本土物種遺傳資源之依據。

材料與方法

材料

參試之台灣芭蕉採自桃園石門地區，拔蕉 (*M. balbisiana*) 取自台灣大學試驗農場之實生苗，而尖蕉 (*M. acuminata*) 與三倍體栽培種'北蕉' [*Musa* sp. cv. 'Pei-chiao' (AAA)] 則取自台灣香蕉研究所所保存的二倍體種原及其所生產的組織培養苗。這些材料分別定植於農業試驗所種原保存圃，俟植株生長一年後進行採樣。

染色體數鏡檢觀察

在中午 (12:30–13:30) 時間採取台灣芭蕉幼嫩根尖，隨後浸於 2 mM 8-Hydroxyquinoline Sulfate (8-HQ) 溶液，在 18℃黑暗中震盪處理 3–4 小時；以二次水清洗 3 次，每次 2–3 分鐘，然後浸於新鮮配備的 Farmer's 溶液 (95% ethanol:acetic acid = 3:1)，於室溫下放置 24 小時；接著以二次水清洗 3 次，然後加入水解酵素溶液 (6% pectinase 與 6% cellulose 溶在 75 mM KCl, pH = 4)，於 37℃處理 72 分鐘，進行細胞軟化與解離；隨後滴上新鮮配備的固定液 (甲醇：冰醋酸 = 3：1)，將根尖組織均勻塗在載玻片上，片子風乾後以 Giemsa [0.99 g/cm^3 Giemsa 溶液 (Merck, Germany)：1/15 M Na_2HPO_4：KH_2PO_4 = 1：10：10) (Comings 1975) 染色 20 分鐘，水洗後風乾並封上蓋玻片，隨後置於放大倍率 1000 倍之顯微鏡下鏡檢。記錄染色體形態及數目，並觀察 5 個細胞以上，經確定染色體形態與數目後，照相記錄。共檢視 3 處採集地之植株。

基因組大小的測定

切取 70 mg 展開葉，加入 1 mL Galbraith lysis buffer {45 mM $MgCl_2 \cdot H_2O$, 30 mM sodium citrate, 20 mM MOPS [(3-(N-morpholino)-propanesulfonate)], and 1% Triton X-100; pH = 7.0} (Galbraith *et al.* 1983)。Galbraith lysis buffer 使用前需先加入 5 μL/mL 2-mercaptoethanol。然後將葉片切成小碎片，以 30 μm nylon mesh 過濾，再以 50 μg/mL RNase 於 37℃下處理 30 分鐘。

樣品測量前先以 50 μg/mL propium iodide 染色，並加入雞紅血球細胞核 (Chicken red blood cell nuclei, CRBC; 2.50 pg/2C) 當作標準品 (Tiersch *et al.* 1989)，然後以 Elite ESP (Beckman and Coulter Inc., Hong Kong) 流式細胞儀 (flow cytometer) 分析 DNA 含量。其光源為 15 mW 488 nm Argon 雷射，發射光譜為 600–640 nm (Lai & Chen 2002)。每樣品均分析 10,000 個細胞核。每份材料每重複分析 3 植株，共 3 重複。為避免儀器誤差，每重複在不同天進行。

芭蕉屬植物細胞核的相對 DNA 含量 (DNA content) 依下列公式計算：

2C nuclear DNA content = 2.500 × [(G_0/G_1 peak mean of *Musa*)/(G_0/G_1 peak mean of chicken red blood cell nuclei)]。

資料分析

試驗調查所得資料利用 SAS 軟體 (Version 8.2, 2002) 進行統計分析。

結　　果

染色體數

台灣芭蕉的體細胞染色體數為 $2n = 22$ (圖 1)，染色體短小，約 1.5–3.0 μm，多數為中位中節 (metacentric) 或近近端中節 (sub-acrocentric) 染色體，有一對衛星染色體 (satellite chromosome) (圖 1，箭頭標示處)。

基因組大小

以流式細胞儀分析芭蕉屬物種之細胞核基

因組 DNA 含量，可描繪出兩個波峰，其中一個波峰代表芭蕉屬物種之 G_0/G_1 期間細胞核內 DNA 含量，另一個波峰則代表雞紅血球細胞之 G_0/G_1 期間細胞核內 DNA 含量 (圖 2)。試驗結果顯示，4 種參試材料的細胞核內 DNA 含量呈顯著差異 (表 1)，A 基因組中‘北蕉’的 DNA 含量最高 (1.741 pg)，且是尖蕉 (1.173 pg) 的 1.48 倍，符合參試材料所代表的倍數性。而二倍體台灣芭蕉的 DNA 含量 (1.387 pg) 是尖蕉的 1.18 倍，B 基因組拔蕉 (1.096 pg) 的 1.26 倍。將 DNA 含量的資料轉換成基因組大小 (Bennett & Smith 1976)，台灣芭蕉的基因組大小為 669.23 Mbp，較 A 基因組 (尖蕉及‘北蕉’) 的 560.99–565.97 Mbp 與 B 基因組 (拔蕉) 的 528.82 Mbp 均大些 (表 1)。

討　論

由於芭蕉屬物種的基因組與染色體較小，不容易以傳統鏡檢方法確定其染色體數 (Dolezˇel *et al*. 1994; Lys′ak *et al*. 1999; Osuji *et al*. 1997)，雖然流式細胞技術可以精確量測芭蕉屬物種的細胞核 DNA 含量 (Dolezˇel *et al*. 1994)，然而製備高解析度的染色體樣品仍為染色體層次的遺傳學分析所必需 (Osuji *et al*. 1996, 1997, 2006; Dolezˇel *et al*. 1998a; Dolezˇelov′a *et al*. 1998; Häkkinen *et al*. 2007b)。

本研究利用水解酵素軟化台灣芭蕉根尖細胞之細胞壁可以得到分散良好的細胞分裂中期 (metaphase) 的染色體，觀察結果顯示台灣芭蕉的染色體數為 $2n = 22$ (圖 1)，未來可利用此方法製備染色體樣品，進一步以螢光原位雜合技術 (fluorescent in situ hybridization, FISH) 標誌基因或特定 DNA 片段在染色體上的位置，有助於描述台灣芭蕉基因組的特徵。

芭蕉屬物種的染色體基數大部分為 $x = 11$ 或 10，傳統上配合形態性狀歸類為 *Eumusa* Baker ($x = 11$)、*Rhodochlamy* Sagot ($x = 11$)、*Callimusa* Cheesman ($x = 10$) 及 *Australimusa* Cheesman ($x = 10$) 等 4 宗 (section) (Cheesman

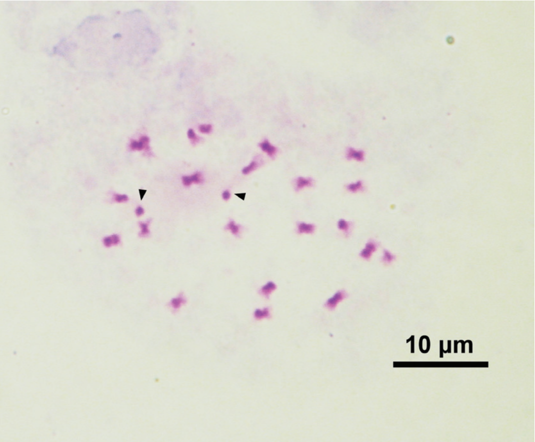

圖 1. 台灣芭蕉的體細胞染色體 (箭頭標示為衛星染色體)。

Fig. 1. Photomicrograph of a mitotic metaphase of *Musa formosana*, $2n = 22$. (arrowheads indicate satellite chromosome, bar = 10 μm)

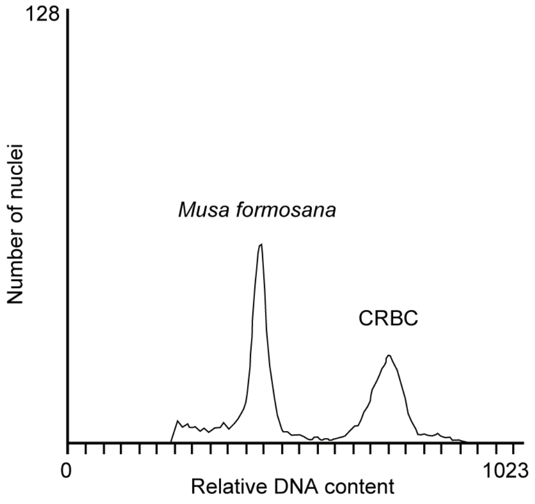

圖 2. 台灣芭蕉細胞核相對 DNA 含量測量值分佈圖。

Fig. 2. Profile of relative nuclear DNA contents of nuclei from leaf tissue of *Musa formosana* and the chicken red blood cell nuclei (CRBC).

表 1. 芭蕉屬植物之體細胞核內 DNA 含量與其基因組大小
Table 1. The DNA content and genome size of somatic nucleus (2C) of *Musa* spp. estimated by flow cytometry

Species (genome)	2C DNA content (pg) [z]	Genome size (Mbp) [y]
M. formosana (FF)	1.387 b [x]	669.23
M. acuminata (AA)	1.173 c	565.97
M. balbisiana (BB)	1.096 c	528.82
Musa sp. cv. 'Pei-chiao' (AAA)	1.741 a	560.99
LSD (α = 0.05)	0.165	-

[z] Chicken red blood cell nuclei (DNA content = 2.50 pg/2C) as internal standards for reference.
[y] 1 pg DNA = 965 Mbp (Bennett & Smith 1976).
[x] Means followed by a common letter in same column are not significantly different at $p < 0.05$ by LSD.

1947; Shepherd 1990; Ude *et al.* 2002; Häkkinen 2004; Häkkinen & Väre 2008; Häkkinen 2009)，但 Wong *et al.* (2001, 2002) 及 Nwakanma *et al.* (2003) 依據分子遺傳標誌資料建議應將 4 宗改成 *Eumusa-Rhodochlamy* (x = 11) 及 *Callimusa-Australimusa* (x = 10) 等 2 宗。Wong *et al.* (2003) 進一步提出 2 宗 4 群分類系統，即在 *Eumusa* 宗設置 *acuminata* 與 *ornata* 等 2 群 (x = 11)，而在 *Callimusa* 宗設置 *coccinea* 與 *textilis* 等 2 群 (x = 10)。至於染色體基數為 x = 7 的 *M. ingens* (Simmonds 1962; Argent 1976) 歸類於 Argent (1976) 增設的 *Ingentimusa* Argent 宗，而基數為 x = 9 的 *M. beccarii* var. *beccarii* 和 var. *hottana* (Simmonds 1956, 1960; Shepherd 1959; Bartosˇ *et al.* 2005; Häkkinen *et al.* 2005; Häkkinen *et al.* 2007a)，目前則歸類於 *Callimusa* 宗 (Simmonds & Weatherup 1900; Häkkinen 2004)。

由於台灣芭蕉的染色體數為 $2n$ = 22 (圖 1)，其花序與果實生長方向及小花排列等形態特徵 (Chiu *et al.* 2004)，較符合 *Eumusa* 宗的花序半下垂 (semi-pendent)、果實彎曲 (curved) 朝花序先端 (rachis) 方向生長及小花雙列 (biseriate) 等特徵 (Cheesman 1947)，而與 *Rhodochlamy* 宗的花序直立、果實未彎曲生長及小花單列 (uniseriate) 等特徵 (Cheesman 1947; Häkkinen 2009) 差異較大，且果肉中充滿種子 (Chiu *et al.* 2004)，證實台灣芭蕉為隸屬於 *Eumusa* 宗的二倍體野生種香蕉植物。

以流式細胞儀測得台灣芭蕉體細胞核內 DNA 含量為 1.387 pg，基因組大小約為 669.23 Mbp，較二倍體尖蕉的 A 基因組與拔蕉的 B 基因組大小高出 18% 與 26%，且 3 基因組大小間呈顯著差異 (表 1)。一般而言，選用適當與正確的標準品是準確測定基因組大小的關鍵 (Dolezˇel 1997; Dolezˇel *et al.* 1997, 1998b; Dolezˇel & Bartosˇ 2005)，常用的標準品有雞紅血球細胞核 (CRBC)，但其 DNA 含量受性別與雜交等因素所影響。Dolezˇel *et al.* (1992) 建立多種植物的基因組大小當作標準品，惟至今仍無大家可接受的共同標準品，因此各實驗室所測得的資料並無法做比較 (Dolezˇel 1997; Dolezˇel *et al.* 1997, 1998b; Dolezˇel & Bartosˇ 2005)。本研究以 CRBC 為標準品，所測得的 A 與 B 基因組大小 (分別為 565.97 Mbp 及 528.82 Mbp) 較 Dolezˇel *et al.* (1994) 所測的值 (分別為 602.75 Mbp 及 552 Mbp) 為小，造成此種差異的原因可能是 Dolezˇel *et al.* (1994) 取以人類男性白血球 (male human leucocytes) 校正的大豆 (*Glycine max*) DNA 含量為標準品，且兩者所使用的流式細胞儀機型也不同。雖然如此，Dolezˇel *et al.* (1994) 的研究中 A 與 B 基因組大

小比值為 1.07，而本研究者為 1.09，兩研究之比值相當地接近。相似的比值也出現在 Lys′ak *et al.* (1999)、Kamat′e *et al.* (2001) 與 Bartosˇ *et al.* (2005) 的研究，其 A 與 B 基因組大小比值依序為 1.12、1.09 與 1.10。因此可以確定台灣芭蕉的基因組大小較 A 基因組與 B 基因組高出 18%與 26%。

Dolezˇel *et al.* (1994) 及 Lys′ak *et al.* (1999) 建議可利用基因組大小的差異來區分芭蕉屬 A 與 B 基因組，而由 13 組共顯性的 SSR 引子對對 *malaccensis* 亞種尖蕉、*microcarpa* 亞種尖蕉、拔蕉與台灣芭蕉分析的資料亦指出，台灣芭蕉與尖蕉 (A 基因組) 及拔蕉 (B 基因組) 為不同的物種 (Chiu *et al.* 2007)。綜合前述資料顯示，基因組大小的資料不僅可應用於 3 種不同基因組的鑑定，尚可預測基因組間植株雜交後裔的基因組組成，而應用於雜交後裔的早期檢定。

誌 謝

本研究承中央研究院植物暨微生物研究所鍾副研究員美珠指導染色體製片技術與慨借相關試驗器材，文成復蒙審閱斧正，謹致謝忱。

引用文獻 (Literature cited)

Argent, G. C. G. 1976. The wild bananas of Papua New Guinea. Notes R. Bot. Gard. Edinb. 35:77–114.

Bartosˇ, J., O. Alkhimova, M. Dolezˇelov′a, E. De Langhe, and J. Dolezˇel. 2005. Nuclear genome size and genomic distribution of ribosomal DNA in *Musa* and *Ensete* (Musaceae). Cytogen. Genome Res. 109:50–57.

Bennett, M. D. and J. B. Smith. 1976. Nuclear DNA amounts in angiosperms. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B 274:227–274.

Cheesman, E. E. 1947. Classification of the bananas. II. The genus *Musa* L. Kew Bull. 2:106–117.

Chiu, H. L., C. T. Shii, T. L. Chang, S. W. Lee, and M. J. Fan. 2004. Morphological characterization of *Musa formosana* (Warb.) Hayata. J. Agric. Res. China 53:207–216. (in Chinese with English abstract)

Chiu, H. L., H. C. Chen, and C. T. Shii. 2007. Genetic relationship between *Musa formosana* (Warb.) Hayata and banana progenitors based on morphological traits and SSR markers. J. Taiwan Soc. Hort. Sci. 53:173–184. (in Chinese with English abstract)

Comings, D. E. 1975. Mechanisms of chromosome banding. IV. Optical properties of the Giemsa dyes. Chromosoma (Berl.) 50:89–110.

Damania, A. B. 2008. History, achievements, and current status of genetic resources conversation. Agron. J. 100:9–21.

Dolezˇel, J. 1997. Application of flow cytometry for the study of plant genomes. J. Appl. Genet. 38:285–302.

Dolezˇel, J., M. A. Lys′ak, I. Van Den Houwe, M. Dolezˇelov′a, and N. Roux. 1997. Use of flow cytometry for rapid ploidy determination in *Musa* species. Infomusa 6:6–9.

Dolezˇel, J., M. Dolezˇelov′a, and F. J. Novak. 1994. Flow cytometric estimation of nuclear DNA amount in diploid bananas (*Musa acuminata* and *M. balbisiana*). Biol. Plant. 36:351–357.

Dolezˇel, J., M. Dolezˇelov′a, N. Roux, and I. Van Den Houwe. 1998a. A novel method to prepare slides for high resolution chromosome studies in *Musa* spp. Infomusa 7:3–4.

Dolezˇel, J. and J. Bartosˇ. 2005. Plant DNA flow cytometry and estimation of nuclear genome size. Ann. Bot. 95:99–110.

Dolezˇel, J., J. Greilhuber, S. Lucretti, A. Meister, M. A. Lys′ak, L. Nardi, and R. Obermayer. 1998b. Plant genome size estimation by flow cytometry: intere-laboratory comparison. Ann. Bot. 82 (suppl. A):17–26.

Dolezˇel, J., S. Sgorbati, and S. Lucretti. 1992. Comparison of three DNA fluorochromes for flow cytometric estimation of nuclear DNA content in plants. Physiol. Plant. 85:625–631.

Dolezˇelov′a, M., M. Valarik, R. Swennen, J. P. Horry, and J. Dolezˇel. 1998. Physical mapping of the 18S-25S and 5S ribosomal RNA genes in diploid bananas. Biol. Plant. 41:497–505.

Engle, L. M. 1994. The management of vegetable germplasm collection. p.29–48. *in* the Proceeding of Symposium on Plant Germplasm Conservation: Perspectives for the 2000s. Taiwan Agricultural Research Institute Pub. Taichung.

Galbraith, D. W., K. R. Harkin, J. M. Maddox, N. M. Ayres, D. P. Sharma, and E. Firoozabady. 1983. Rapid flow cytometric analysis of the cell cycle in intact plant tissues. Science 220:1049–1051.

Hajjar, R. and T. Hodgkin. 2007. The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. Euphytica 156:1–13.

Häkkinen, M. 2004. *Musa voonii*, a new *Musa* species from northern Borneo and discussion of the section *Callimusa* in Borneo. Acta Phytotax. Geobot. 55: 79–88.

Häkkinen, M. 2009. Lectotypification of two *Musa* sections (Musaceae). Nord. J. Bot. 27:207–209.

Häkkinen, M., C. H. Teo, and Y. R. Othman. 2007a. Genome Constitution for *Musa beccarii* N. W. Simmonds (Musaceae) varieties. Acta Phytotax. Sin. 45:69–74.

Häkkinen, M. and H. Väre. 2008. Typification and check-list of *Musa* L. names (Musaceae) with nomenclatural notes. Adansonia 30:63–112.

Häkkinen, M., M. Suleiman, J. Gisil. 2005. *Musa beccarii* Simmonds (Musaceae) varieties in Sabah, northern Borneo. Acta Phytotax. Geobot. 56:137–142.

Häkkinen, M., P. Suchuankova, M. Dolezˇelov′a, E. Hribova, and J. Dolezˇel. 2007b. Karyological observation in *Musa beccarii* var. *hottana* (Musaceae). Acta Phytotax. Geobot. 58:112–118.

Harlan, J. R. 1976. Genetic resources in wild relatives of crops. Crop Sci. 16:329–333.

Hayata, B. 1917. *Musa formosana* (Warb.) Hayata. p.83. *in*: General Index to the Flora of Formosa, Supplement to Icones Plantarum Formosanarum VI. (Hayata, B., ed.) Formosan Bureau of Productive Industries, Government of Formosa. Japan.

Heywood, V., A. Casas, B. Ford-Lloyd, S. Kell, and N. Maxted. 2007. Conservation and sustainable use of crop wild relatives. Agric. Ecosyst. Environ. 121: 245–255.

Kamat′e, K., S. Brown, P. Durand, J-M. Bureau, D. De Nay, and T. H. Trinh. 2001. Nuclear DNA content and base composition in 28 taxa of *Musa*. Genome 44:622–627.

Kao, M. T. and M. J. Lai. 1976. Musaceae. p.827–830. *in*: Flora of Taiwan. (Li, H. L., T. S. Liu, T. C. Huang, T. Koyama, and C. E. DeVol, eds.) 1st ed. Epoch Publish Co. Press. Taipei.

Lai, Y. C. and L. F. O. Chen. 2002. Flow cytometric analysis of nuclear cell cycle phases in relation to plant regeneration in Petunia hybrida. J. Genet. Mol. Biol. 13:13–20.

Liaw, M. J. 1992. Investigation on Electrophoretic Patterns of SkDH and PGD Isozymes of *Musa* Germplasm and Native in Taiwan. Master Thesis. National Taiwan University. Taipei. 170 pp. (in Chinese with English abstract)

Lys′ak, M. A., M. Dolezelova, J. P. Horry, R. Swennen, and J. Dolezel. 1999. Flow cytometric analysis of nuclear DNA contents in *Musa*. Theor. Appl. Genet. 98:1344–1350.

Nakagahra, M. 1994. Operations and management of the national plant germplasm system in Japan. p.17–28. *in* the Proceeding of Symposium on Plant Germplasm Conservation: Perspectives for the 2000s. Taiwan Agricultural Research Institute Pub. Taichung.

Nwakanma, D. C., M. Pillay, B. E. Okoli, and A. Tenkouano. 2003. Sectional relationship in the genus *Musa* L. inferred from the PCR-RFLP of organelle DNA sequences. Theor. Appl. Genet. 107:850–856.

Osuji, J. O., B. E. Okoli, and H. O. Edeoga. 2006. Karyotypes of the A and B genomes of *Musa* L. Cytologia 71:21–24.

Osuji, J. O., B. E. Okoli, and R. Ortiz. 1996. An improvement procedure for mitotic studies of *Eumusa* section of the genus *Musa* L. (Musaceae). Informusa 5:12–14.

Osuji, J. O., G. Harrison, J. Crouch, and J. S. Heslop-Harrison. 1997. Identification of genomic constitution of *Musa* L. lines (bananas, plantains and hybrids) using molecular cytogenetics. Ann. Bot. 80:787–793.

Rogers, D. J., B. Snoad, and L. Seidewitz. 1975. Documentation for genetic resources centers. p.399–405. *in*: Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow (Frankel, O. H. and J. G. Hawkes, eds.) Cambridge University Press. London.

SAS Institute Inc. 2002. SAS/STAT Guide for Personal Computers. Version 8.2. SAS Institute Inc., Cary, NC. 943 pp.

Shepherd, K. 1959. Two new basic chromosome numbers in Musaceae. Nature 183:1539.

Shepherd, K. 1990. Observations on Musa taxonomy. p.158–165. *in* the Proceeding of Symposium on Identification of Genetic Diversity in the Genus

Musa. International Network for the Improvement of Banana and Plantain Pub. Montpellier.

Simmonds, N. W. 1956. Botanical results of the banana expedition, 1954–5. Kew Bull. 3:463–488.

Simmonds, N. W. 1960. Notes on banana taxonomy. Kew Bull. 14:198–212.

Simmonds, N. W. 1962. The Evolution of the Bananas. Longmans Press. UK. 170 pp.

Simmonds, N. W. and S. T. C. Weatherup. 1990. Numerical taxonomy of the wild bananas (*Musa*). New Phytol. 115:567–571.

Stalker, H. T. 1980. Utilization of wild species for crop improvement. Adv. Agron. 33:111–147.

Tiersch, T. R., R. W. Chandler, S. S. Wachtel, and S. Elisa. 1989. Reference standards for flow cytometry and application in comparative studies of nuclear DNA content. Cytometry 10:706–710.

Ude, G., M. Pillay, D. Nwakanma, and A. Tenkouano. 2002. Analysis of genetic diversity and sectional relationships in *Musa* using AFLP markers. Thero. Appl. Genet. 104:1239–1245.

Wong, C., R. Kiew, A. Lamb, O. Set, S. K. Lee, L. H. Gan, and Y. Y. Gan. 2001. Sectional placement of three Bornean species of *Musa* (Musaceae) based on amplified fragment length polymorphism (AFLP). Gard. Bull. Singapore 53:327–341.

Wong, C., R. Kiew, G. Argent, O. Set, S. K. Lee, and Y. Y. Gan. 2002. Assessment of the validity of the sections in *Musa* (Musaceae) using AFLP. Ann. Bot. 90:231–238.

Wong, C., R. Kiew, G. Argent, O. Set, S. K. Lee, and Y. Y. Gan. 2003. The genetic relations of *Musa* species from Mount Jaya, New Guinea, and a reappraisal of the sections of *Musa* (Musaceae). Gard. Bull. Singapore 55:97–111.

Yen, H. F. 1995. A Study of Wild Species Related to Important Horticultural Crops in Taiwan. Ph. D. Thesis. National Taiwan University, Taipei. 474 pp. (in Chinese with English abstract)

Ying, S. S. 2000. Musaceae. p.704–706. *in*: Flora of Taiwan. 2nd ed. (Editorial Committee of the Flora of Taiwan, ed.) Editorial Committee of the Flora of Taiwan Pub. Taipei.

Study on Ploidy of *Musa formosana* (Warb.) Hayata in Taiwan[1]

Hui-Lung Chiu[2,5], Long-Fang O. Chen[3], Chou-Tou Shii[4], and Yu-Chu Chang[4]

Abstract

Chiu, H. L., L. F. O. Chen, C. T. Shii, and Y. C. Chang. 2010. Study on ploidy of *Musa formosana* (Warb.) Hayata in Taiwan. J. Taiwan Agric. Res. 59:78–85.

The chromosome number and genome size of *Musa formosana* (Warb.) Hayata were analyzed. *M. formosana* had a diploid number of $2n = 22$ and is placed in section *Eumusa* to conform to the previous morphological studies. Nuclear DNA content or genome size of *M. formosana* was estimated to be 1.387 pg or 669.23 Mbp per 2C, which was larger than that of A and B genome by 18% and 26%, respectively. The difference in genome size estimated by flow cytometry can discriminate different genomes, which is reliable to identify species and to predict the genome constitution of their hybrids.

Key words: *Musa formosana*, Chromosome number, Genome size, Flow cytometry, Wild banana.

---

1. Contribution No.2398 from Taiwan Agricultural Research Institute (TARI), Council of Agriculture. Accepted: May 28, 2010.
2. Assistant Researcher, Plant Germplasm Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
3. Research Fellow, Institute of Plant and Microbial biology, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, ROC.
4. Professor and Ex-graduated student, Department of Horticulture, National Taiwan University, Taipei, Taiwan, ROC.
5. Corresponding author, e-mail: chl@tari.gov.tw; Fax: (04)23331705.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 59(2):86–102 (2010)

水稻抗白葉枯病基因同義密碼子使用偏性之影響因素探討[1]

魏夢麗[2] 鍾依涵[2] 呂椿棠[2] 呂秀英[3,4]

摘　要

魏夢麗、鍾依涵、呂椿棠、呂秀英。2010。水稻抗白葉枯病基因同義密碼子使用偏性之影響因素探討。台灣農業研究 59:86–102。

同樣對白葉枯病菌產生抗性的不同 *Xa* 基因間，呈現出密碼子使用偏性的多樣性。因此，本研究進行 *Xa* 基因同義密碼子使用偏性之影響因素探討，以進而瞭解形成密碼子使用的演化機制。研究材料係取自 NCBI (National Center for Biotechnology Information) 之 GenBank 資料庫下載已完全定序的 *Xa* 基因 (*Xa1*, *xa5*, *xa13*, *Xa13*, *Xa21*, *Xa26* 及 *Xa27*) 及其家族之 17 個編碼區序列 (coding domain sequence, CDS)，透過計算這些 *Xa* 基因的 CDS 長度及各種同義密碼子使用偏性指標，如同義密碼子相對使用度 (relative synonymous codon usage, RSCU)、密碼子適應指標 (codon adaption index, CAI)、有效密碼子數 (effective number of codons, ENC)、同義密碼子第三位置出現 G 或 C 核苷酸之頻率 (GC3) 以及同義密碼子第一、二位置出現 G 或 C 核苷酸之平均頻率 (GC12)，並分析其間之關係，以闡明同義密碼子使用偏性之主要影響因素。結果發現 *Xa* 基因之 CDS 長度及基因表達程度與同義密碼子使用偏性有極顯著關係，即 *Xa* 基因長度較短者可有較高的基因表達程度、以及較高的同義密碼子使用偏性，如 *xa5*、*xa13*、*Xa13* 及 *Xa27* 基因。*Xa* 基因序列之 GC3 組成限制，也影響密碼子的使用。而 GC3 突變偏性又受到 GC12 之影響，造成 *Xa* 基因之同義密碼子使用偏性。

關鍵詞：同義密碼子使用偏性、基因表達程度、GC 含量、突變偏性、分子演化。

前　言

生物的蛋白質合成都是由 DNA 上連續排列的遺傳密碼 (genetic code) 所決定，DNA 的遺傳訊息轉錄到 mRNA 上，通過翻譯讀寫 mRNA 上的遺傳密碼，將 DNA 上遺傳訊息轉變為蛋白質的胺基酸排列順序。mRNA 分子中每 3 個相鄰鹼基代表一種胺基酸或終止信號，此 3 個相鄰鹼基稱為密碼子 (codon)。因此，密碼子是核苷酸攜帶訊息和蛋白質攜帶訊息間

---

1. 行政院農業委員會農業試驗所研究報告第 2400 號。接受日期：99 年 6 月 21 日。
2. 本所作物組助理研究員、計畫助理、助理研究員。台灣 台中縣 霧峰鄉。
3. 本所研究員兼主任秘書。台灣 台中縣 霧峰鄉。
4. 通訊作者，電子郵件：iying@tari.gov.tw；傳真機：(04)23302801。

對應的基本規則，是生物體內資訊傳遞的基本環節。編碼 20 種胺基酸的密碼子共 61 種，因此有 2 個或 2 個以上轉譯成同一胺基酸之情形，這些表現相同胺基酸的密碼子稱為同義密碼子 (synonymous codon)。大多數生物體或基因通常傾向使用部份特定的同義密碼子，此種生物中普遍存在的同義密碼子非均衡使用現象，稱為同義密碼子使用偏性 (synonymous codon usage bias)。例如密碼子 GUU、GUC、GUA、GUG 皆決定纈胺酸 (valine, Val)，若突變使密碼 GUU 改變成 GUC，則仍然可轉譯為 Val，不影響蛋白質的活性，此意味著 tRNA 的反密碼子 (anticodon) 的第一個鹼基 (從 5'端算起) 與 mRNA 的密碼子之第三個鹼基並非一對一的關係，此即所謂的搖擺位點 (wobble position)。

同義密碼子使用偏性會因物種或基因不同而有所差異 (Gu *et al*. 2002; Fan *et al*. 2003)，此與諸多因素有關，如：鹼基組成突變偏性 (base compositional mutation bias) (Karlin & Mrazek 1996; Knight *et al*. 2001; Huo & Yang 2003)、自然選擇 (nature selection) (Sharp & Li 1986; Duret & Mouchiroud 1999; Peixoto *et al*. 2003; Romero *et al*. 2003)、基因長度 (Moriyama & Powell 1998)、tRNA 豐富度 (Percudani *et al*. 1997; Duret 2000)、mRNA 二級結構 (Gu *et al*. 2004)、密碼子與反密碼子之交互作用 (Shi *et al*. 2001)、蛋白質結構 (Gupta *et al*. 2000)、蛋白質親水程度及胺基酸保守性 (Romero *et al*. 2000)、轉譯起點效應 (Stenström *et al*. 2001) 等。然而，不同物種基因體發生密碼子使用偏性的原因也不盡相同 (Berezhnoy & Duplij 2005; Liu & Xue 2005)。大腸桿菌 (*Escherichia coli*) 及釀酒酵母 (*Saccharomyces cerevisiae*) 的密碼子用法取決於突變偏性 (mutational biases) 及對最優密碼子選擇 (selection for optimal codons) 的平衡，而與此相反，一些極端富含 AT 或 GC 的原核生物及哺乳動物中基因的密碼子用法主要由突變偏性造成 (Bulmer 1988; Sharp *et al*. 1993)。但是，Duret & Mouchiroud (1999) 卻發現在線蟲 (*Caenorhabditis elegans*)、果蠅 (*Drosophila melanogaster*) 及阿拉伯芥 (*Arabidopsis thaliana*) 中該特性並非由突變引起，而是取決於對密碼子搖擺位點的選擇。Liu *et al*. (2003) 則發現水稻的 GC 含量決定了密碼子的使用，而主要與轉錄水平上的突變有關。

同義密碼子使用偏性究竟是由突變偏性或轉譯選擇 (translational selection) 產生，還是兩者共同作用產生，迄今結論不甚一致 (Salim & Cavalcanti 2008)。Sharp & Li (1987) 認為密碼子使用偏性在高效表達基因中是由轉譯水準上的選擇壓力主宰，在低表達基因或群體比較小的物種中則主要經由突變或漂移產生。但是 Chiapello *et al*. (1998) 發現轉譯時密碼子的選擇是造成阿拉伯芥密碼子使用偏性的重要角色，Karlin & Mrazek (1996) 卻認為人類基因體之密碼子使用偏性變異以突變偏性較轉譯選擇更為重要。在大腸桿菌、釀酒酵母、線蟲、果蠅、阿拉伯芥及水稻等生物基因體中，皆發現基因表達程度與密碼子使用偏性間存在顯著相關關係 (Ikemura 1985; Sharp & Li 1987; Duret & Mouchiroud 1999)。Liu *et al*. (2004a) 也發現基因表達程度是造成粳稻粒線體中密碼子使用偏性的主要因素，高度表達之粒線體基因的密碼子通常含有豐富的 A 或 T，且偏好以 A 或 U 結尾；但粳稻粒線體的基因長度與基因表達程度、密碼子使用偏性之間並無明顯關係。Liu *et al*. (2004b) 利用 NCBI (National Center for Biotechnology Information) 之 GenBank 資料庫中 1860 條大於 300 bp 的水稻 CDS 探討同義密碼子使用偏性之影響因素，認為水稻密碼子使用偏性之變異性是由於轉錄時核苷酸突變偏性所造成，水稻基因體中高度表達基因較偏好某

種 GC 含量豐富的同義密碼子。Liu *et al*. (2003) 以水稻品種 93-11 作為材料進行基因體同義密碼子使用偏性分析，則發現基因表達程度雖會影響密碼子使用偏性，但兩者間相關係數較小。顯然，影響水稻基因體之同義密碼子使用偏性的因素，可能因目標基因而有所不同。

水稻白葉枯病 (rice bacterial leaf blight) 是由黃單孢桿菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, *Xoo*) 引起的一種細菌性維管束病害，為世界性主要稻作病害之一。為瞭解水稻白葉枯病抗病基因 (*Xa*) 之抗性分子機制，前作 (Wei *et al*. 2009) 自 NCBI 之 GenBank 資料庫 (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/index.html, Guisez *et al.* 1993) 下載已完全定序的 *Xa* 基因 (*Xa1*, *xa5*, *xa13*, *Xa13*, *Xa21*, *Xa26* 及 *Xa27*) 及其家族之 17 個編碼區序列 (coding domain sequence, CDS) 進行密碼子使用偏性分析，發現同樣對 *Xoo* 產生抗性的不同 *Xa* 基因間呈現出密碼子使用偏性的多樣性，*Xa1*、*Xa21* 及 *Xa26* 的 CDS 僅少數胺基酸具有高頻密碼子 (high-frequency codon) 且大多偏好以 A 或 U 結尾的密碼子，而 *xa5*、*xa13*、*Xa13* 及 *Xa27* 之 CDS 的所有胺基酸都偏好以 C 或 G 結尾的密碼子，由此揭示出選擇在抗病基因的演化中有著重要的作用。因此，值得進一步探討 *Xa* 基因密碼子使用偏性之影響因素，可有利 *Xa* 基因分子機制演化上之研究，並促進蛋白質結構預測與基因改良。

材料與方法

Xa 基因序列之蒐集

本研究自 NCBI 之 GenBank 資料庫下載已定序之 *Xa* 基因的 CDS，這些已知 *Xa* 基因的相關資訊整理如表 1，*Xa1* 分別於 1999 及 2004 年登錄有兩條序列 (本文簡稱 *Xa1-1999* 及 *Xa1-2004*)，各位於第 4 及第 10 條染色體；*xa5* 為一隱性基因，位於第 5 條染色體；*Xa13* 及 *xa13* 分別為顯、隱性基因，皆位於第 8 條染色體；*Xa21* 基因家族位於第 11 條染色體，包含 7 個成員分別為 *Xa21-A1*、*Xa21-A2*、*Xa21-B*、*Xa21-C*、*Xa21-D*、*Xa21-E* 及 *Xa21-F*；*Xa26* 基因家族位於第 11 條染色體，包含 4 個成員分別為 *Xa26-MRKa*、*Xa26-MRKb*、*Xa26-MRKc* 及 *Xa26-MRKd* (本文簡稱 *Xa26a*、*Xa26b*、*Xa26c* 及 *Xa26d*)；*Xa27* 位於第 6 條染色體。

同義密碼子使用偏性指標值之計算

將上述各 *Xa* 基因之 CDS，利用 CodonW 密碼子分析軟體 (1.4 版，http://bioweb.pasteurur.fr/seqana/interfaces/codonw.html, Peden 1999)，先求出各基因序列上各種密碼子的個數，然後進行以下各種同義密碼子使用偏性指標之計算。編碼 20 種胺基酸的密碼子共有 61 種 (附錄 1)，其中由於甲硫胺酸 (methionine, Met)、色胺酸 (tryptophan, Trp) 各只對應一個密碼子，因此在以下計算過程中皆未將其納入，而只針對各基因之 59 種同義密碼子進行同義密碼子使用偏性指標值之估算。

同義密碼子相對使用度 (relative synonymous codon usage, RSCU) 及其對應分析 (correspondence analysis, COA)：RSCU 通常用來研究整個基因的密碼子使用變異。編譯成同一種胺基酸的同義密碼子從理論上期望是有相同的使用頻率 (具有隨機性)，RSCU 是實際觀測值與理論期望值間之比率，其大小反映出胺基酸內同義密碼子的偏性變異。為探討不同 *Xa* 基因間密碼子使用性的相似及相異程度，在不考慮 Met、Trp 下，計算出各基因之 59 種同義密碼子之 RSCU 值，其計算式 (Sharp *et al*. 1993) 為

$$\mathrm{RSCU}_{ij} = \frac{X_{ij}}{\frac{1}{n_i}\sum_{j=1}^{n_i} X_{ij}} \quad [1]$$

表 1. 已知序列之水稻 *Xa* 基因之解碼區序列 (CDS) 長度及各種同義密碼子使用偏性指標值

Table 1. Length of coding domain sequence (CDS) and indices of synonymous codon usage bias of bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice with known sequences [z]

Label	Gene symbol	Accession no. in NCBI	Submitted year	Gene length (bp)	Chromosome location	CDS Length (bp)	CAI [y]	ENC [y]	GC3 [y]	GC12 [y]
Xa1-1999	*Xa1*	AB002266	1999	5910	4	5409	0.183	54.25	0.440	0.459
Xa1-2004	*Xa1*	NM_194685	2004	4206	10	4206	0.209	56.91	0.543	0.462
xa5	*xa5*	AY643716	2004	318	5	318	0.273	39.93	0.673	0.429
xa13	*xa13*	DQ421394	2006	924	8	924	0.266	31.06	0.956	0.508
Xa13	*Xa13*	DQ421395	2006	924	8	924	0.261	31.08	0.953	0.510
Xa21-A1	*Xa21*	U72725	1997	8416	11	2991	0.196	55.94	0.446	0.465
Xa21-A2	*Xa21*	U72727	1998	5940	11	2991	0.192	55.44	0.443	0.463
Xa21-B	*Xa21*	U37133	1995	3921	11	3078	0.168	55.56	0.464	0.458
Xa21-C	*Xa21*	U72723	1998	19639	11	2978	0.195	57.12	0.445	0.472
Xa21-D	*Xa21*	U72726	1997	13341	11	1839	0.166	58.44	0.513	0.445
Xa21-E	*Xa21*	U72724	1997	9424	11	2442	0.202	57.11	0.459	0.454
Xa21-F	*Xa21*	U72728	2005	7204	11	3071	0.205	55.70	0.504	0.454
Xa26a	*Xa26*	DQ355952	2006	3401	11	3297	0.180	57.34	0.439	0.469
Xa26b	*Xa26*	DQ355952	2006	3631	11	3312	0.199	57.99	0.480	0.464
Xa26c	*Xa26*	DQ355952	2006	3456	11	3342	0.176	57.02	0.475	0.459
Xa26d	*Xa26*	DQ355952	2006	11396	11	3327	0.200	57.24	0.482	0.470
Xa27	*Xa27*	AY986491	2005	2393	6	342	0.213	33.09	0.798	0.663

[z] Source: Oryzabase and NCBI databases, searched on Feb. 29, 2008.

[y] CAI, codon adaption index; ENC, effective number of codons; GC3, frequency of G or C nucleotides present at the third position of synonymous codons; GC12, mean frequencies of G or C nucleotides present at the first and second positions of synonymous codons.

式中 X_{ij} 是第 i 個胺基酸中第 j 個密碼子出現的次數，n_i 為第 i 個胺基酸同義密碼子的數目。RSCU 用以觀測同義密碼子出現頻率是否相等，當 RSCU 值大於 1 時表示相對應的密碼子出現的次數比期望次數 (即該胺基酸所有同義密碼子出現平均頻率，意味著其出現頻率都相等) 為高，反之則表示出現次數相對較少 (Sharp *et al*. 1993)。本研究同義密碼子使用性是由不同 *Xa* 基因 (樣本) 與 59 種同義密碼子出現頻率 (變數) 所構成的資料矩陣來決定，此係一種多維 (multiple dimensions) 的資料形式，最適合利用多變數分析 (multivariate analysis) 之統計技術來解析其所蘊含之訊息。對應分析 (correspondence analysis) 為 Benzécri 於 1973 年所提出，是一種廣泛運用到生態學 (尤其是植物生態學) 的多變數統計分析技術，現已大量應用到其他各方面的研究領域 (Beh 2004)，包括基因組分析上之各種應用 (Gupta & Ghosh 2001; Tekaia *et al*. 2002; Tan *et al*. 2004)。對應分析對於數據的要求比較簡單，不需要有嚴格的線性關係，也無須限定所處理的資料是連續或離散變數，只需要是一個列聯表 (contingency table) 的資料形式，即可將多維之變數或樣本於一個低維空間上以一個

序列分布圖 (ordination diagram) 呈現，藉此不但可用來檢測變數間或樣本間的關係，也能從各變數或樣本落在序列分布圖上之距離遠近來判斷分群結果 (Benzécri 1973)。密碼子使用性之對應分析，能區分高表達基因和低表達基因 (Gouy & Gautier 1982; Holm 1986; Peden 1999)，並可有效檢測出不同基因間之密碼子使用性的變異形式 (Gupta & Ghosh 2001; Wei *et al*. 2009)。因此，本研究根據 RSCU 值利用 STATISTICA 統計軟體 (7.0 版，Statsoft Inc. 2002) 進行對應分析，由各 *Xa* 基因落在所得序列分布圖之因子軸 (COA axis) 上的相對位置，來探討 *Xa* 基因之同義密碼子使用偏性。

密碼子適應指標 (codon adaption index, CAI)：CAI 是透過計算某基因中每個密碼子的相對貢獻及所有密碼子的頻率，來做為測量該基因之同義密碼子使用偏性大小的一個指標，用以評估哪一種選擇在形成密碼子使用模式時是有效的，故可有效運用於預測基因的表達程度、估計病毒基因對宿主的適應性及比較不同生物之間密碼子之使用模式 (Sharp & Li 1987)。Nakamura & Tabata (1997) 以 7 個基因組的表達模式，證實了 CAI 能有效預測基因表達程度。自此，CAI 已成為最常用的基因表達程度之估計值 (Salim & Cavalcanti 2008)。CAI 的計算步驟如下 (Sharp & Li 1987)：首先，利用 RSCU 值計算出密碼子相對適應值 (relative adaptiveness of a codon, W)，W 為同一胺基酸中各密碼子使用頻率與最優密碼子 (即出現頻率最高之密碼子) 使用頻率的比值，即

$$W_{ij} = \frac{RSCU_{ij}}{RSCU_{i\,max}} = \frac{X_{ij}}{X_{i\,max}} \qquad [2]$$

式中 $RSCU_{i\,max}$ 為第 i 個胺基酸中最大的 RSCU 值；$X_{i\,max}$ 為第 i 個胺基酸中出現頻率最高的密碼子個數。

$$CAI = CAI_{obs}/CAI_{max} \qquad [3]$$

其中 $$CAI_{obs} = \sqrt[L]{\prod_{k=1}^{L} RSCU_k} \qquad [4]$$

$$CAI_{max} = \sqrt[L]{\prod_{k=1}^{L} RSCU_{k\,max}} \qquad [5]$$

式中 $RSCU_k$ 為基因中第 k 個密碼子的 RSCU 值；$RSCU_{k\,max}$ 為基因中第 k 個密碼子所編碼之胺基酸中最大 RSCU 值；L 為基因中密碼子的數目。因此，CAI 的精確計算式可寫成

$$CAI = \sqrt[L]{\prod_{k=1}^{L} W_k} \qquad [6]$$

由該公式可知，CAI 是密碼子相對適應值 (W) 的幾何平均值 (geometric mean)，顯示出其與基因表達程度之間具有正向相關性。CAI 值介於 0–1 之間，高度表達之基因，通常 CAI 值也越高。但 Sharp & Li (1987) 強調 CAI 只能大致估計出基因內密碼子使用性的適合度 (suitability)，而不考慮密碼子在基因上的分布。

有效密碼子數 (effective number of codons, ENC)：ENC 為觀察在基因序列中密碼子被真正使用的密碼子使用偏性之測量方法，其數值範圍在 20–61 之間 (Wright 1990)。當每個胺基酸都使用到一種密碼子時，ENC 為 20；若各胺基酸皆無偏好任何同義密碼子時，則 ENC 當近於 61。ENC 的計算步驟如下 (Wright 1990)：

先計算各胺基酸的密碼子均質性 (homozygosity, F)，計算式為

$$\hat{F} = \frac{n\sum_{i=1}^{k} p_i^2 - 1}{n - 1} \qquad [7]$$

式中 k 為同義密碼子數，例如白胺酸 (leucine, Leu) 有 6 個密碼子 (附錄 1)，則 k = 6；n 為某一胺基酸之同義密碼子的總和，例如 Leu 中 $n = n_1 + n_2 + ... + n_6$；$p_i$ 為某一胺基酸之第 i 個同義密碼子頻率，例如 Leu 中的 $p_i = \frac{n_i}{n}$ 。

再求 ENC，其在 Wright (1990) 使用的符號為 $\hat{N}_C$，計算公式為

$$\hat{N}_C = 2 + \frac{9}{\bar{\hat{F}}_2} + \frac{1}{\bar{\hat{F}}_3} + \frac{5}{\bar{\hat{F}}_4} + \frac{3}{\bar{\hat{F}}_6} \quad [8]$$

式中 $\bar{\hat{F}}_i$ 為每一種同義密碼子家族，如 $\bar{\hat{F}}_6$ 表示所有包含 6 個同義密碼子之同義密碼子家族 的均質性，如 Leu、精胺酸 (arginine, Arg)、絲胺酸 (serine, Ser) 之 3 種胺基酸 (附錄 1)。由於在計算時，可能有些基因會缺少某些密碼子，針對此類情況，可循以下幾種方法處理：(1) 若某一同義密碼子家族的 $\bar{\hat{F}}$ 計算結果為 0，則對於之前 $\hat{N}_C$ 的計算應加以調整，即在計算某些同義密碼子家族的平均均質性時，應按照實際出現的同義密碼子家族之數目來計算；(2) 包含 3 個同義密碼子之同義密碼子家族的異白胺酸 (isoleucine, Ile) (附錄 1) 若缺失或很少被使用，則 $\bar{\hat{F}}_3$ 應計算為 $\bar{\hat{F}}_2$ 與 $\bar{\hat{F}}_4$ 之平均值；(3) 由於某些基因之密碼子之使用可能具有極度偏性，而造成 $\hat{N}_C$ 值可能大於 61，此時該基因之 $\hat{N}_C$ 值則以 61 計算。

同義密碼子第三位置出現 G 或 C 核苷酸之頻率 (GC3)：GC3 含量可能是影響同義密碼子使用偏性的因素之一。一般而言在計算各基因之同義密碼子的 GC3 時，並不納入只對應一個密碼子的 Met 和 Trp。

同義密碼子第一、二位置出現 G 或 C 核苷酸之平均頻率 (GC12)：GC12 為在不考慮 Met、Trp 下同義密碼子第一位置出現 G 或 C 之頻率 (GC1) 及其第二位置出現 G 或 C 之頻率 (GC2) 的平均值，其計算式為

$$GC12 = \frac{(GC1 + GC2)}{2} \quad [9]$$

密碼子使用偏性影響因素之分析

CDS 長度對基因表達程度之影響：將各基因的 CDS 長度與 CAI 進行簡單相關，並繪製散佈圖，以探討 CDS 長度是否影響基因表達程度。

CDS 長度對同義密碼子使用偏性之影響：將各基因的 CDS 長度與在 RSCU 之對應分析所得序列分布圖中解釋變異具有最大貢獻率的第一軸 (COA axis 1) 上位置、以及與 ENC 分別進行簡單相關，並繪製散佈圖，以探討 CDS 長度是否為影響同義密碼子使用偏性之因素。

基因表達程度對同義密碼子使用偏性之影響：將各基因的 CAI 與在 RSCU 之 COA axis 1 上位置及 ENC 分別進行簡單相關，並繪製散佈圖，以探討基因表達程度是否為影響同義密碼子使用偏性之因素。

GC3 含量對同義密碼子使用偏性之影響：為探討基因中 GC3 含量是否會影響同義密碼子使用偏性，因此本研究以 GC3 為 X 軸而 ENC 為 Y 軸，繪製一個 Nc-plot 圖 (Wright 1990)，可用來檢視同義密碼子使用偏性是否因 GC3 組成的壓力限制 (compositional constraints) 所造成。若密碼子為隨機使用，ENC 與 GC3 的期望關係可根據 Wright (1990) 提出之方法求得，其使用的符號及公式如下：

$$Nc = 2 + s + [\frac{29}{s^2 + (1-s)^2}] \quad [10]$$

式中符號 Nc 即 ENC，s 為 GC3 值 (註：Wright 之原著印刷有誤，Nc 公式的分母被誤寫成 $s^2 + (1-s^2)$，本文在此予以修正)。

透過 Nc-plot 可看出，若基因受到 GC3 組成之壓力限制影響，則其 Nc 會落在期望值平滑曲線正上面或曲線之下方，表示基因可能受到 GC 突變偏性之影響或者受到密碼子第三位置對 G 或 C 之選擇，而造成密碼子使用偏性 (Wright 1990)。

同時，為評估 ENC 期望值與估計值間之差異，計算 ENC 的估計值與期望值之比率 (ENC ratio)：

$$ENC\ ratio = \frac{(ENC_{exp} - ENC_{obs})}{ENC_{exp}} \quad [11]$$

ENC_{obs} 為基因經由算式 [8] 所計算出之 ENC 值；ENC_{exp} 為某基因所含之 GC3 含量時，利用 ENC 與 GC3 之期望關係的公式 [10] 所算出之期望值。然後，以基因為 X 軸，ENC ratio 為 Y 軸，繪製曲線分布圖，其結果可用以佐證 Nc-plot 之結果 (Kawabe & Miyashita 2003)。

GC12 含量對 GC3 突變偏性之影響：為瞭解突變偏性與密碼子使用偏性之間的關係，以 GC3 為 X 軸，GC12 為 Y 軸，繪製中性圖 (neutrality plot)，用以觀察 GC12 含量是否為 GC3 含量突變偏性之影響因素 (Sueoka 1988)。若 GC3 和 GC12 之間存在顯著相關關係，則表示基因會受突變偏性影響，若他們之間無顯著關係，則表示該等基因有較低的突變偏性或較高的保守性。

結　果

已知序列之 *Xa* 基因之 CDS 的長度及各種同義密碼子使用偏性指標值 (除 RSCU 以外)，整理如表 1。由表 1 可知，就密碼子適應指標 CAI 越高，表示基因之表達程度越高來看，所有 *Xa* 基因的表達程度並不高；而較短 CDS (318–924 bp) 之 *xa5*、*xa13*、*Xa13* 及 *Xa27* 基因的 CAI 值介於 0.213–0.273 之間，至於 CDS 較長 (1839–5409 bp) 的 *Xa1*、*Xa21* 及 *Xa26* 基因家族之 CAI 值則在 0.168–0.209 之間，似乎 *Xa* 基因之 CDS 長度較短者可有較高的基因表達程度。*xa5*、*xa13*、*Xa13* 及 *Xa27* 基因之 CDS 的 ENC 值在 31.06–39.93 之間，該有效密碼子數較接近於 20，表示胺基酸的同義密碼子使用偏性較高；然而，*Xa1*、*Xa21* 及 *Xa26* 基因家族之 CDS 的 ENC 值在 54.25–58.44 之間，較接近於 61，表示其序列胺基酸較不偏好任何密碼子。*xa13* 及 *Xa13* 基因之 CDS 的 GC3 值甚近於 1，表示其同義密碼子第三位置的 G 或 C 含量很高，其次為 *Xa27* 基因；*Xa1*、*Xa21* 及 *Xa26* 基因家族之 CDS 的同義密碼子第三位置的 G 或 C 含量則相對較低，GC3 值在 0.5 左右。所有 *Xa* 基因之 CDS 的同義密碼子第一、二位置之 G 或 C 含量則並無偏高現象，其 GC12 值在 0.5 左右，未接近於 1。

將各 *Xa* 基因之 CDS 的 RSCU 值進行對應分析結果 (圖 1)，兩個主要因子軸能解釋變異的貢獻分別為 56.94%和 19.61%，總貢獻量合計佔 76.55%，此意謂著利用對應分析所得之二維序列分布圖的兩個因子軸，當足以充分說明 *Xa* 基因間密碼子使用偏性的差異趨勢，且以第一軸 (COA axis 1) 能夠解釋過半數的密碼子使用偏性。因此，由各基因落在 RSCU 之 COA axis 1 上的位置，可顯示各基因密碼子使用性的變異形式：基因在 RSCU 之 COA axis 1 上的落點越偏離 0，表示其同義密碼子使用偏性越高；而各基因落點點之間有群團現象，表示這些基因的同義密碼子使用性相近。由圖 1 發現，*xa5*、*xa13*、*Xa13* 及 *Xa27* 都甚遠離於其他 *Xa* 基因，且 *xa5* 及 *Xa27* 亦各偏離於 *xa13* 及 *Xa13*，此表示 *xa13* 及 *Xa13* 之 CDS 的胺基酸之同義密碼子使用偏性與*xa5*及*Xa27*所得者有差異，而此四個 *Xa* 基因之同義密碼子使用偏性又甚異於 *Xa1*、*Xa21* 及 *Xa26* 基因家族。

將各 *Xa* 基因的 CDS 長度與 CAI 進行相關分析，結果發現 CDS 長度會影響基因表達程度，其間存在極顯著的負相關關係 ($P < 0.001$)，即 CDS 長度越短則基因表達程度越高 (圖 2)。透過 *Xa* 基因的 CDS 長度與在 RSCU 之 COA axis 上位置間存在之極顯著負相關關係，以及 CDS 長度與 ENC 間之極顯著正相關關係，可知 CDS 長度越短則同義密碼子使用偏性也越高 (圖 3、4)。再將 CAI 分別與 RSCU 之 COA axis 1 上位置及 ENC 進行簡單相關，發現 CAI 與在 RSCU 之 COA axis 1 上位置之間呈極顯著正相關 (圖 5)，而 CAI 與 ENC 間則呈極顯著負相關 (圖 6)，顯示 *Xa* 基因之表達程度確實會影響其同義密碼子使用偏性。為探討

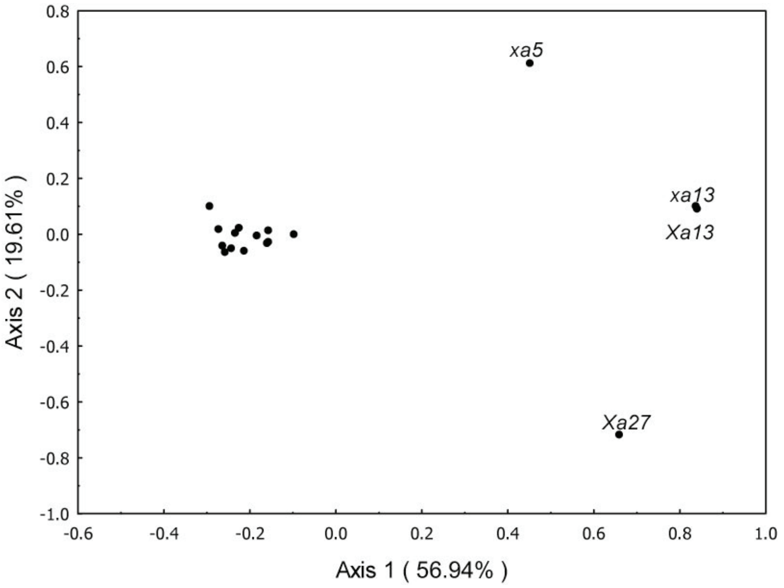

圖 1. 水稻 *Xa* 基因根據同義密碼子相對使用度 (RSCU) 的對應分析之序列分布圖。

Fig. 1. Ordination diagram of correspondence analysis based on the relative synonymous codon usage (RSCU) for bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice.

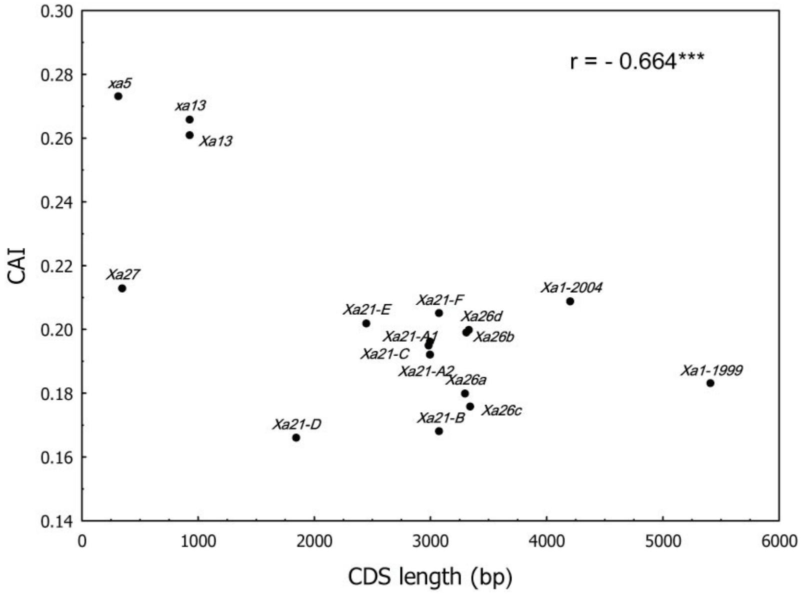

圖 2. 水稻 *Xa* 基因的編碼區序列 (CDS) 長度與密碼子適應指標 (CAI) 間之相關關係。

Fig. 2. Correlation between coding domain sequence (CDS) length and codon adaption index (CAI) for bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice. *** Significant at 0.1% level.

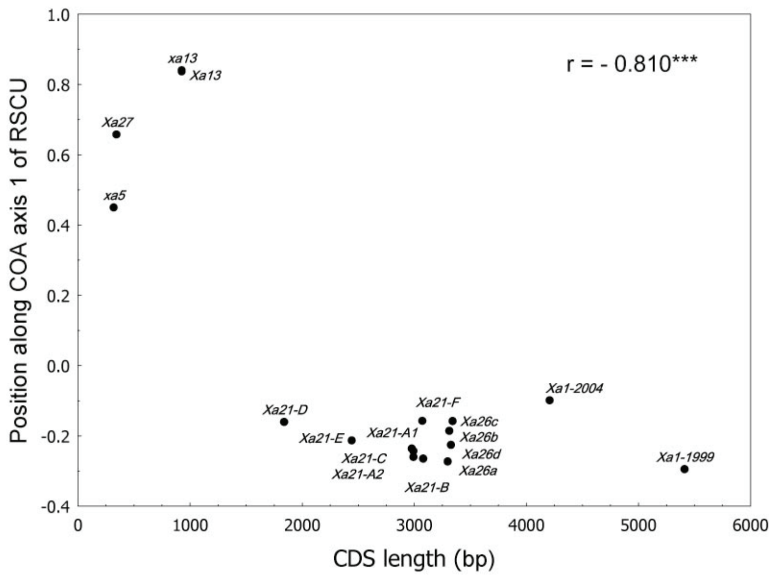

圖 3. 水稻 *Xa* 基因的編碼區序列 (CDS) 長度與在同義密碼子相對使用度 (RSCU) 之對應分析第一因子軸 (COA axis 1) 上位置間之相關關係。

Fig. 3. Correlation between coding domain sequence (CDS) length and the position along the first axis of correspondence analysis (COA axis 1) of relative synonymous codon usage (RSCU) for bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice. *** Significant at 0.1% level.

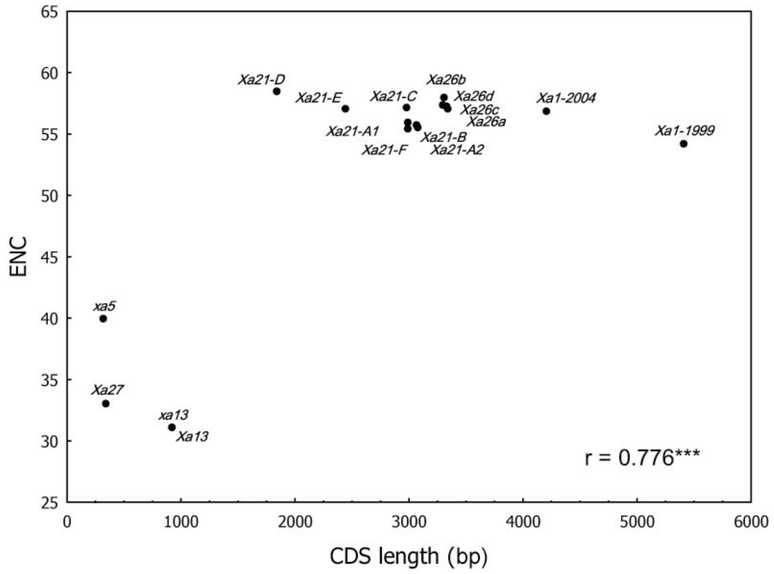

圖 4. 水稻 *Xa* 基因的編碼區序列 (CDS) 長度與有效密碼子數 (ENC) 間之相關關係。

Fig. 4. Correlation between coding domain sequence (CDS) length and effective number of codon (ENC) for bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice. *** Significant at 0.1% level.

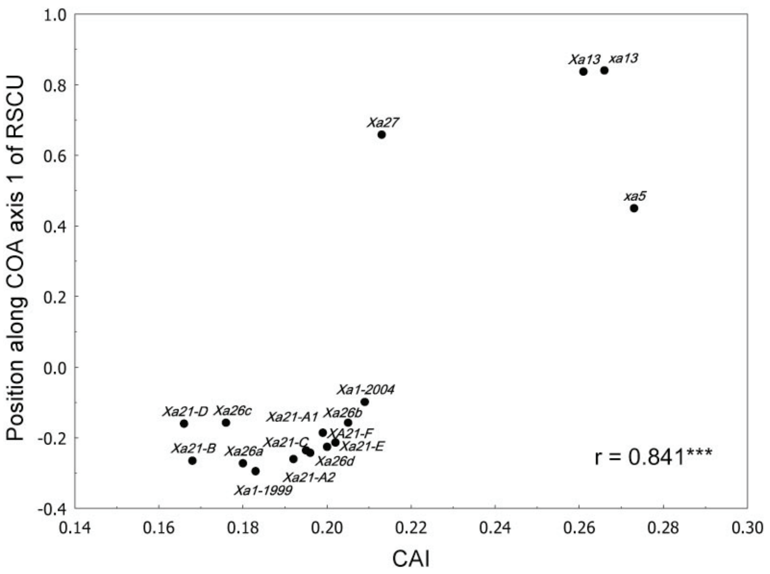

圖 5. 水稻 *Xa* 基因之密碼子適應指標 (CAI) 與在同義密碼子相對使用度 (RSCU) 之對應分析第一因子軸 (COA axis 1) 上位置間之相關關係。

Fig. 5. Correlation between codon adaption index (CAI) and the position along the first axis of correspondence analysis (COA axis 1) of relative synonymous codon usage (RSCU) for bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice.　*** Significant at 0.1% level.

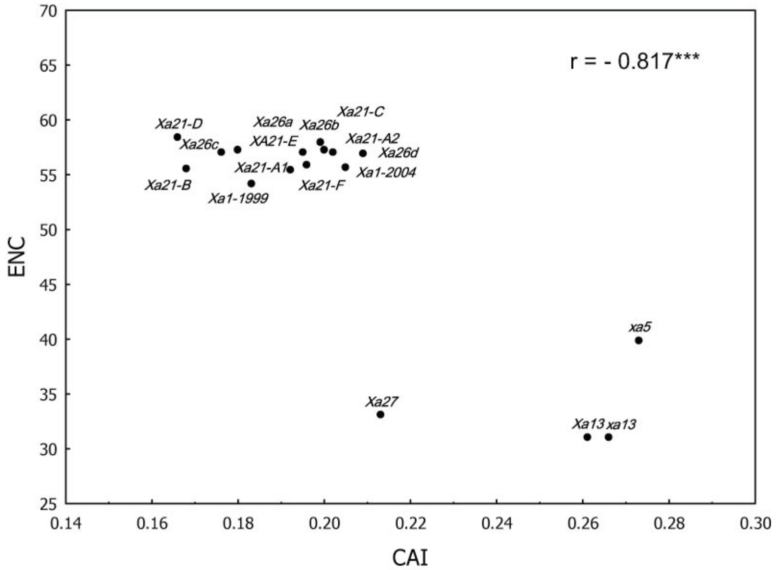

圖 6. 水稻 *Xa* 基因的密碼子適應指標 (CAI) 與效密碼子數 (ENC) 間之相關關係。

Fig. 6. Correlation between codon adaption index (CAI) and effective number of codon (ENC) for bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice.　*** Significant at 0.1% level.

Xa 基因 CDS 的 GC3 含量是否影響其同義密碼子使用性，由圖 7 之 Nc-plot 可看出，所有 *Xa* 基因皆落於期望曲線之下方，表示所有 *Xa* 基因皆因 GC3 組成而造成其同義密碼子使用偏性，尤以 CDS 長度較短 (< 1000 bp) 的 *xa5* 及 *Xa27* 基因受到 GC3 組成之影響更鉅 (更明顯偏離期望曲線)；此結論亦可由圖 8 之基因對 ENC ratio (基因間 ENC 期望值與估計值間之差異) 的曲線分布圖獲得佐證，各基因之 ENC ratio 皆為正值，而 *xa5* 及 *Xa27* 之 ENC ratio 遠大於其他 *Xa* 基因，表示 *xa5* 及 *Xa27* 確實距離期望曲線較遠，其同義密碼子使用偏性受到 GC3 組成限制之影響更甚於其他 *Xa* 基因。繼由圖 9 之中性圖可知，GC12 與 GC3 之間呈顯著正相關 ($P < 0.05$)，顯示 GC 含量在 *Xa* 基因之同義密碼子使用偏性的產生過程中扮演著決定性的作用，且 *Xa* 基因密碼子之 GC3 組成也受到其 GC12 之影響，導致可能發生較高的突變偏性而造成同義密碼子使用上之偏性。

討　論

本研究發現不同 *Xa* 基因存在密碼子使用偏性變異，*Xa1*、*Xa21* 及 *Xa26* 基因家族之序列胺基酸較不偏好任何密碼子，而 *xa5*、*xa13*、*Xa13* 及 *Xa27* 基因卻有較高的同義密碼子使用偏性 (表 1、圖 1)。進而根據本研究同義密碼子使用偏性之影響因素探討，顯示 *Xa* 基因長度較短者可有較高的基因表達程度、以及較高的同義密碼子使用偏性，如 *xa5*、*xa13*、*Xa13* 及 *Xa27* 基因 (圖 2–圖 6)。因此，CDS 長度及基因表達程度是影響 *Xa* 基因同義密碼子使用偏性的部份因素。而在其他水稻基因，如粳稻粒線體基因之表達程度是造成密碼子使用偏性的因素之一，但其 CDS 長度則並不影響基因表

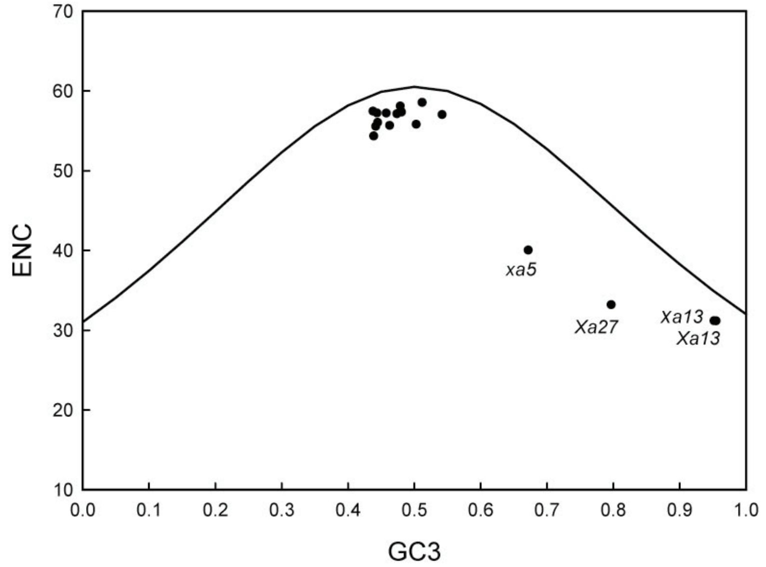

圖 7. 水稻 *Xa* 基因之 Nc-Plot：圖中實線為在密碼子逢機使用下之密碼子第三位置出現 G 或 C 核苷酸之頻率 (GC3) 與有效密碼子數 (ENC) 之期望值。

Fig. 7. Nc-plot for bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice. The solid curve represents the expected curve between frequency of G or C nucleotides present at the third position of synonymous codons (GC3) and effective number of codon (ENC) under random codon usage.

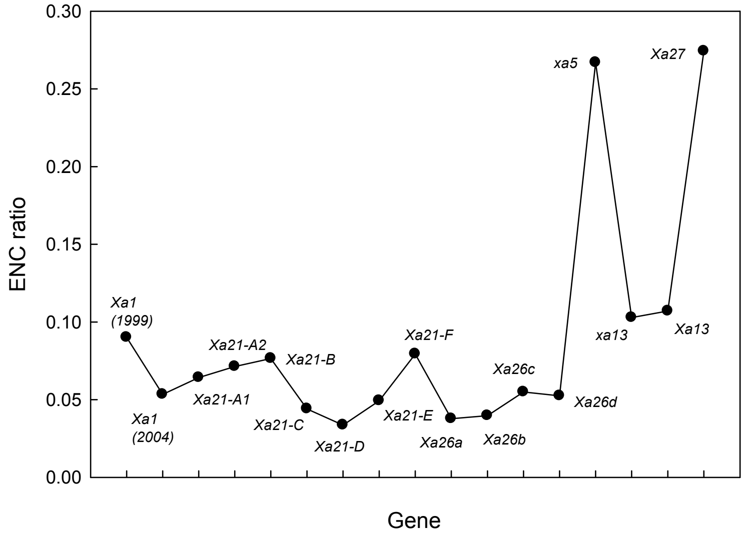

圖 8. 水稻 *Xa* 基因的有效密碼子數估計值與期望值之比率 (ENC ratio) 的曲線分布圖。

Fig. 8. Distribution curve of the ratio between observed and expected effective number of codon (ENC ratio) for bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice.

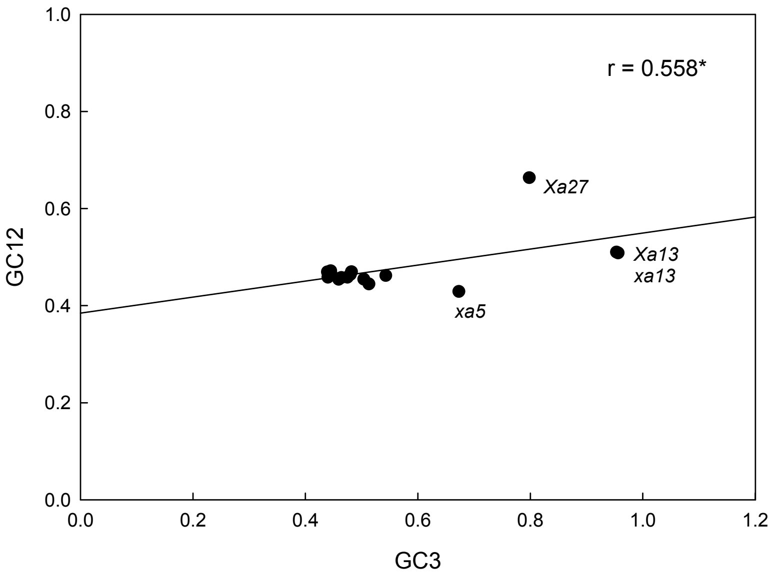

圖 9. 水稻 *Xa* 基因之中性圖。

Fig. 9. Neutrality plot for bacterial leaf blight resistant genes (*Xa*) of rice.　* Significant at 5% level.

達程度及密碼子使用偏性 (Liu *et al*. 2004a)；Liu *et al*. (2003) 在水稻品種 93-11 之基因體上發現 CDS 長度較短之基因的密碼子使用偏性較高，而基因表達程度多少影響密碼子使用偏性，但兩者間相關係數較小；Liu *et al*. (2004b) 認為水稻密碼子使用偏性之變異性是由於轉錄時核苷酸突變偏性所造成，水稻基因體中高度表達基因較偏好某種 GC 含量豐富的同義密碼子，且 CDS 長度越短，水稻轉錄活性表達程度越高。一般而言，CDS 長度為影響水稻密碼子使用偏性的因素之一，當 CDS 長度越短，其密碼子使用偏性越高；但當目標基因不同，影響程度也會不同 (Liu *et al*. 2004b; Liu *et al*. 2005)。在多細胞真核生物中，基因長度與密碼子使用偏性之關係的內在機制和原因還不是很清楚 (Salim & Cavalcanti 2008)；有可能是因為遺傳上連鎖的選擇位點的進化動力學所造成 (Comeron *et al*. 1999; McVean & Charlesworth 2000)，即所有的都是相等，但較長基因內的位點將與更大數目的分離非中性突變位點緊密相連，如此形成有更低的密碼子使用偏移 (Comeron *et al*. 1999)。Liu *et al*. (2005) 則指出高表達基因比低表達基因對密碼子偏好性有顯著的變異，是因為高表達基因有較強的天擇限制，會選擇密碼子以進行有效的轉譯，而影響高表達基因最主要之因素為 tRNA 的豐富度，即高表達基因會要求密碼子的使用頻率與 tRNA 數量及轉錄能力相符。

影響 *Xa* 基因之同義密碼子使用偏性，還包括 GC3 之組成限制 (圖 7、8)。Wei *et al*. (2009) 發現具有多白胺酸重複 (leucine-rich repeat, LRR) 區域結構且 CDS 長度大於 1000 bp 的 *Xa1*、*Xa21* 及 *Xa26* 基因的大多數胺基酸並無密碼子使用偏性，僅少數胺基酸偏好以 A 或 U 結尾的同義密碼子；而不具 LRR 區域蛋白質結構且 CDS 長度較短的 *xa5*、*xa13*、*Xa13* 及 *Xa27* 基因，則幾乎所有胺基酸都偏好以 C 或 G 結尾的同義密碼子。由此顯見，同樣對白葉枯病菌產生抗性的不同 *Xa* 基因間所呈現的密碼子使用偏性的多樣性，揭示出選擇在抗病基因的演化中有著重要的作用。按照中性進化理論的觀點，核苷酸序列中密碼子第 3 位鹼基的變化受到突變和自然選擇的影響是中性或近中性的 (Sharp *et al*. 1993)，由此似乎意味著可能由於鹼基突變偏好 G + C 或 A + U 而造成這些 *Xa* 基因之同義密碼子使用偏性。Liu *et al*. (2003) 也指出水稻基因序列 GC 含量強烈影響了密碼子的使用，其密碼子使用偏性之產生主要與轉錄水平上的突變有關。此外，本研究也發現 GC12 之突變也會影響 GC3 的突變偏性，進而造成 *Xa* 基因之同義密碼子使用偏性 (圖 9)。同樣這一特點也存在於其他生物，但其影響程度不同。Kawabe & Miyashita (2003) 利用 4 種單子葉植物 (小麥、大麥、水稻及玉米) 以及 3 種雙子葉植物 (阿拉伯芥、菸草、豌豆) 的 CDS 進行密碼子使用偏性分析，結果發現單子葉與雙子葉植物的密碼子使用偏性皆受到 GC3 組成限制之因素影響，又單子葉植物之 GC3 組成則受到 GC12 之影響，但雙子葉植物則否。Liu & Xue (2005) 利用水稻、玉米、小麥及阿拉伯芥等四種植物的細胞核基因與葉綠體基因進行密碼子使用偏性之比較，發現密碼子使用偏性在葉綠體及細胞核中皆受到 GC3 組成限制影響，而細胞核基因體 GC3 突變偏性又受到 GC12 所影響，葉綠體基因體中 GC3 則否，表示細胞核基因體之 GC 含量會影響突變偏性，而葉綠體基因體則有較低的突變偏性或較高的保守性。

誌 謝

本研究承蒙國家科學委員會 (計畫編號：NSC95-2317-B-055-004) 補助經費，特致謝忱。

引用文獻 (Literature cited)

Beh, E. J. 2004. A Bibliography of the Theory and Application of Correspondence Analysis. Vol. II-By Publication. School of Quantitative Methods and Mathematical Sciences, Univ. Western Sydney. Australia. 101 pp.

Benzécri, J. P. 1973. Lanalyse des Donnees. II. Lanalyse des Correspondances. Dunod. Paris, France. 619 pp.

Berezhnoy, A.Y. and S. A. Duplij. 2005. Dependence of nucleotide physical properties on their placement in codons and determinative degree. J. Zhejiang Univ. Sci. 6:948–960.

Bulmer, M. 1988. Are codon usage patterns in unicellular organisms determined by selection-mutation balance? J. Mol. Bio. 1:15–26.

Chiapello, H., F. Lisacek, M. Caboche, and A. Henaut. 1998. Codon usage and gene function are related in sequences of *Arabidopsis thaliana*. Gene 209:GC1–GC38.

Comeron, J. M., M. Kreiman, and M. Agude. 1999. Natural selection on synonymous sites is correlated with gene length and recombination in *Drosophila*. Genetics 151:239–249.

Duret, L. 2000. tRNA gene number and codon usage in the *C. elegans* genome are co-adapted for optimal translation of highly espressed genes. Trends Genet. 16:287–289.

Duret, L. and D. Mouchiroud. 1999. Expression pattern and, surprisingly, gene length shape codon usage in *Caenorhabditis*, *Drosophila*, and *Arabidopsis*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96:4482–4487.

Fan, S. H., A. G. Guo, L. W. Shan, and X. P. Hu. 2003. Analysis of genetic code preference in *Arabidopsis thaliana*. Prog. Biochem. Biophys. 30:221–225. (in Chinese with English abstract)

Gouy, M. and C. Gautier. 1982. Codon usage in bacteria correlation with gene expressivity. Nucleic Acids Res. 10:7055–7074.

Gu, W. J., J. M. Ma, T. Zhou, X. Sun, and Z. H. Lu. 2002. Codon usage in genes coding for proteins with different tertiary structures. Acta Biophys. Sin. 18:81–86. (in Chinese with English abstract)

Gu, W. J., J. M. Ma, T. Zhou, X. Sun, and Z. H. Lu. 2004. The relationship between synonymous codon usage and protein structure in *Escherichia coli* and *Homo sapiens*. BioSystems 73:89–97.

Guisez, Y., J. Robbins, E. Remaut, and W. Fiers. 1993. Folding of the MS2 coat protein in *Escherichia coli* is modulated by translational pauses resulting from mRNA secondary structure and codon usage: a hypothesis. J. Theor. Biol. 162:243–252.

Gupta, S. K., S. K. Majumdar, T. Bhattacharya, and T. C. Ghosh. 2000. Studies on the relationships between the synonymous codon usage and protein secondary structural units. Biochem. Biophys. Res. Commun. 269:692–696.

Gupta, S. K. and T. C. Ghosh. 2001. Gene expressivity is the main factor in dictating the codon usage variation among the genes in *Pseudomonas aeruginosa*. Gene 273:63–70.

Holm, L. 1986. Codon usage and gene expression. Nucleic Acids Res. 14:3075–3087.

Hou, Z. C. and N. Yang. 2003. Factors affecting codon usage in *Yersinia pestis*. Acta Biochem. Biophys. Sin. 35:580–586.

Ikemura, T. 1985. Codon usage and tRNA content in unicellular and multicellular organisms. Mol. Biol. Evol. 2:13–34.

Karlin, S. and J. Mrazek. 1996. What drives codon choices in human genes? J. Mol. Biol. 262:459–472.

Kawabe, A. and N. T. Miyashita. 2003. Patterns of codon usage bias in three dicot and four monocot plant species. Genes Genet. Syst. 78:343–352.

Knight, R. D., J. F. Stephen, and L. F. Landweber. 2001. A simple model based on mutation and selection explains trends in codon and amino-acid usage and GC composition within and across genomes. Genome Biol. 2:1–13.

Liu, Q. P., J. Tan, and Q. Z. Xue. 2003. Synonymous codon usage bias in the rice cultivar 93-11 (*Oryza sativa* L. *ssp. Indica*) Acta Genet. Sin. 30:335–340. (in Chinese with English abstract)

Liu, Q. P., Y. Feng, and Q. Z. Xue. 2004a. Analysis of factors shaping codon usage in the mitochondrion genome of *Oryza sativa*. Mitochondrion 4:313–320.

Liu, Q. P., Y. Feng, X. Zhao, H. Dong, and Q. Z. Xue. 2004b. Synonymous codon usage bias in *Oryza sativa*. Plant Sci. 167:101–105.

Liu, Q. P. and Q. Z. Xue. 2005. Comparative studies on codon usage pattern of chloroplasts and their host nuclear genes in four plant species. J. Genet. 84: 55–62.

Liu, Q., S. Dou, Z. Ji, and Q. Xue. 2005. Synonymous codon usage and gene function are strongly related in *Oryza sativa*. Biosystems 80:123–131.

McVean, G. A. T. and B. Charlesworth. 2000. The effects of Hill-Robertson interference between weakly selected mutations on patterns of molecularly evolution and variation. Genetics 155:929–944.

Moriyama, E. N. and J. R. Powell. 1998. Gnen length and codon usage bias in *Drosophila melanogaster*, *Saccharomyces cerevisiae* and *Escherichia coli*. Nucleic Acids Res. 26:3188–3193.

Nakamura, Y and S. Tabata. 1997. Codon-anticodon assignment and detection of codon usage trends in seven microbial genomes. Microb. Comp. Genomics 2:299–312.

Peden, J. F. 1999. Analysis of Codon Usage. PhD thesis. Dept. Genetics, Univ. Nottingham. 226 pp.

Peixoto, L., A. Zavala, H. Romero, and H. Musto. 2003. The strength of translational selection for codon usage varies in the three replicons of *Sinorhizobium melioti*. Gene 320:109–116.

Percudani, R., A. Pavesi, and S. Ottonello. 1997. Transfer RNA gene redundancy and translational selection in *Saccharomyces cerevisiae*. J. Mol. Biol. 268: 322–330.

Romero, H., A. Zavala, and H. Musto. 2000. Codon usage in *Chlamydia trachomatis* is the result of strand-specific mutational biases and a complex pattern of selective forces. Nucleic Acids Res. 28:2084–2090.

Romero, H., A. Zavala, H. Musto, and G. Bernardi. 2003. The influence of translational selection on codon usage in fishes from the family *Cyprinidae*. Gene 317:141–147.

Salim, H. M. W. and A. R. O. Cavalcanti. 2008. Factors influencing codon usage bias in genomes. J. Braz. Chem. Soc. 19:257–262.

Sharp, P. M. and W. H. Li. 1986. An evolutionary perspective on synonymous codon usage in unicellular organisms. J. Mol. Evol. 24:28–38.

Sharp, P. M. and W. H. Li. 1987. The codon adaptation index-a measure of directional synonymous codon usage bias, and its potential applications. Nucleic Acids Res. 15:1281–1295.

Sharp, P. M., M. Stenico, J. F. Peden, and A. T. Lloyd. 1993. Codon usage: mutational bias, translational selection, or both? Biochem. J. 21:835–841.

Shi, X. F., J. F. Huang, C. R. Liang, S. Q. Liu, J. Xie, and C. Q. Liu. 2001. Is there a close relationship between synonymous codon bias and codon-anticodon binding strength in human genes? Chinese Sci. Bull. 12:1015–1019.

Statsoft Inc. 2002. STATISTICA: The Small Book Chinese Version. USA. 144 pp.

Stenström, C. M., H. Jin, L. L. Major, W. P. Tate, and L. A. Isaksson. 2001. Codon bias at the 3´-side of the initiation codon is correlated with translation initiation efficiency in *Escherichia coli*. Gene 263:273–284.

Sueoka, N. 1988. Directional mutation pressure and neutral molecular evolution. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 85:2653–2657.

Tan, Q., K. Brusgaard, T. A. Kruse, E. Oakeley, B. Hemmings, H. Beck-Nielsen, L. Hansen, and M. Gaster. 2004. Correspondence analysis of micro-array time-course data in case-control design. J. Biomed. Inform. 37:358–365.

Tekaia, F., E. Yeramoan, and B. Dujon. 2002. Amino acid composition of genomes, lifestyles of organisms, and evolutionary trends: a global picture with correspondence analysis. Gene 297:51–60.

Wei, M. L., Y. H. Chung, C. T. Lu, and H. Y. Lu. 2009. Synonymous condon usage bias in rice genes with resistance to bacterial blight (*Xanthomonas oryza*). J. Taiwan Agric. Res. 58:155–168. (in Chinese with English abstract)

Wright, F. 1990. The 'effective number of codons' used in a gene. Gene. 87:23–29.

附錄 1. 各種胺基酸之同義密碼子

Appendix 1. Synonymous codons of each amino acid

Amino acid		Codon	Amino acid		Codon	Amino acid		Codon
Name	Code		Name	Code		Name	Code	
Phenylalanine	Phe	UUU	Proline	Pro	CCU	Aspartic acid	Asp	GAU
		UUC			CCC			GAC
Leucine	Leu	UUA			CCA	Glutamic cid	Glu	GAA
		UUG			CCG			GAG
		CUU	Threonine	Thr	ACU	Cysteine	Cys	UGU
		CUC			ACC			UGC
		CUA			ACA	Tryptophan	Trp	UGG
		CUG			ACG	Arginine	Arg	CGU
Isoleucine	Ile	AUU	Alanine	Ala	GCU			CGC
		AUC			GCC			CGA
		AUA			GCA			CGG
Methionine	Met	AUG			GCG			AGA
Valine	Val	GUU	Tryptophan	Tyr	UAU			AGG
		GUC			UAC	Glycine	Gly	GGU
		GUA	Histidine	His	CAU			GGC
		GUG			CAC			GGA
Serine	Ser	UCU	Glutamine	Gln	CAA			GGG
		UCC			CAG			
		UCA	Asparagine	Asn	AAU			
		UCG			AAC			
		AGU	Lysine	Lys	AAA			
		AGC			AAG			

Factors Influencing the Synonymous Codon Usage Bias in the Genes for Resistance to Bacterial Leaf Blight (*Xanthomonas oryza* pv. *oryza*) of Rice (*Oryza sativa*)[1]

Meng-Li Wei[2], Yi-Han Chung[2], Chun-Tang Lu[2], and Hsiu-Ying Lu[3,4]

Abstract

Wei, M. L., Y. H. Chung, C. Y. Lu, and H. Y. Lu. 2010. Factors influencing the synonymous codon usage bias in the genes for resistance to bacterial leaf blight (*Xanthomonas oryza* pv. *oryza*) of rice (*Oryza sativa*). J. Taiwan Agric. Res. 59:86–102.

Codon usage bias varied among genes (*Xa*) conferring resistance of rice (*Oryza sativa*) to bacterial leaf blight caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. This study was conducted to elucidate the evolution of synonymous codon usage by analysis of factors influencing the synonymous codon usage pattern of *Xa* genes. A total of 17 coding domain sequences (CDS) of the completely sequenced genes, *Xa1*, *xa5*, *xa13*, *Xa13*, *Xa21*, *Xa26*, and *Xa27*, were obtained through the access of the GenBank database of National Center for Biotechnology Information (NCBI) and they were used to unravel the main factors influencing codon usage bias. The length of CDS and indices of synonymous condon usage bias such as relative synonymous codon usage (RSCU), codon adaption index (CAI), effective number of codons (ENC), frequency of G or C nucleotides present at the third position of synonymous codons (GC3), and mean frequencies of G or C nucleotides present at the first and second positions of synonymous codons (GC12) were estimated to examine relationships among them. The length of CDS and level of gene expression were highly correlated to codon usage bias in *Xa* genes; the *Xa* genes with shorter CDS (*xa5*, *xa13*, *Xa13*, *and Xa27*) had higher gene expression and higher codon usage bias. The GC3 compositional constraints also affected the codon usage in *Xa* genes. Moreover, the GC12 had a direct effect on GC3 mutation bias, leading to further high codon usage bias in *Xa* genes.

Key words: Synonymous codon usage bias, Gene expression level, GC3 content, Mutation bias, Molecular evolution, Bacterial leaf blight, *Xanthomonas oryzae*.

---

1. Contribution No.2400 from Taiwan Agricultural Research Institute (TARI), Council of Agriculture. Accepted: June 21, 2010.
2. Respectively, Assistant Researcher, Project Assistant, and Assistant Researcher, Crop Science Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
3. Secretary General, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
4. Corresponding author, e-mail: iying@tari.gov.tw; Fax: (04)23302801.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 59(2):103–111 (2010)

糯質玉米自交系籽粒種皮厚度之變異[1]

謝光照[2,3]

摘 要

謝光照。2010。糯質玉米自交系籽粒種皮厚度之變異。台灣農業研究 59:103–111。

目前在台灣糯質玉米主要當作鮮食玉米，有黑糯及白糯兩種。本試驗以 19 個黑糯族群材料經自交系培育過程選留 390 個 S_5 自交系，及 12 個白糯族群經自交系培育過程選留 588 個 S_5 自交系為材料，種植於霧峰農業試驗所試驗田，取兄妹交配後裔之生理成熟期之種子為材料進行籽粒種皮厚度之調查。試驗結果顯示黑糯及白糯玉米籽粒不同的族群間之整粒平均厚度有明顯之變異存在，同時其發芽面種皮厚度、非發芽面種皮厚度、冠蓋種皮厚度間也有明顯的差異存在，一般以冠蓋種皮厚度最薄，其次依續為發芽面種皮厚度、非發芽面種皮厚度。黑糯整粒平均種皮厚度之變異介於 30–109 μm，平均為 59.4 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 218 個，約佔 56%。就整粒平均種皮厚度而言，以 PF、PG、PH、PJ、PL 及 PN 等族群較薄，同時所分離之自交系具有較薄種皮之數目也較多；而 PC、PE、PI、PQ、PR、PS 等族群較厚，同時具有較大的變異性。白糯以 wxpop 2、wxpop 3、wxpop 5、wxpop 6、wxpop 7、wxpop 12 及 wxpop 13 等族群較薄，而由 wxpop 7、wxpop 12 及 wxpop 13 所分離之自交系具有較薄種皮之數目也較多；而 wxpop 11 則具有較厚之種皮厚度。白糯整粒平均種皮厚度之變異介於 34–204 μm，平均為 98.5 μm，小於 80 μm 的自交系數目有 171 個，約佔 29%。黑糯比白糯玉米平均而言具有較薄之種皮厚度，同時也因不同的自交系間其種皮厚度有明顯的遺傳變異存在，可作為糯質玉米薄種皮改良之育種材料。

關鍵詞：玉米、糯質玉米、種皮厚度、變異。

前 言

糯質玉米原產於中國大陸西南各省，而雲南西雙版納等熱帶及亞熱帶地區為糯質玉米的起源中心，種質資源極為豐富，為當地少數民族種植和食用的基本糯質玉米。糯質基因 (*waxy*) 位於第九條染色體上，屬主效基因 GBSS 之隱性突變，導致無法合成直鏈澱粉，使胚乳中的澱粉幾乎純為支鏈澱粉，乾燥後的糯質玉米的籽粒呈現不透明狀。糯質玉米籽粒胚乳中的澱粉幾乎為支鏈澱粉組成，具有較高的蛋白質和賴氨酸，在食品加

1. 行政院農業委員會農業試驗所研究報告第 2401 號。接受日期：99 年 7 月 21 日。
2. 本所作物組研究員。台灣 台中縣 霧峰鄉。
3. 通訊作者，電子郵件: x486045@wufeng.tari.gov.tw；傳真機: (04)23302806。

工、工業和畜牧業上有廣泛的用途，是一種有開發利用價值的玉米類型。

成熟的玉米籽粒可分為種皮、胚乳、胚和頂蓋等四部份，其中種皮係由母本之子房壁發育而成，為籽粒最外層的保護組織，除了可防止胚受物理性及病原菌的傷害外，還可防止水分的散失與保護種子的生命力之功用。乾燥籽粒，其胚乳約佔整粒的 82.9%，胚佔 11.1%，種皮佔 5.3%，頂蓋佔 0.8%。而種皮的組成，大部分由纖維素和半纖維素所組成，約佔 86.7%，澱粉佔 7.3%，粗脂肪佔 1.0%，蛋白質佔 3.7%，粗灰分佔 0.8%，糖分佔 0.34% (Earle *et al.* 1946)。

Brewbaker *et al.* (1996) 研究指出美國不同地區的地方品種間其種子種皮厚度有明顯的差異存在，而非發芽面之種皮厚度一般大於發芽面之厚度。同時指出成熟玉米籽粒種皮厚度小於 50 μm 時，才能被高度接受為鮮食用玉米類。目前已知不同類型的玉米如爆裂種 (Richarson 1960)、馬齒種玉米 (Ho *et al.* 1975; Helm & Zuber 1969)、甜玉米 (Tracy & Galinat 1987)、本土種台南白 (Shieh 2006) 等其種皮厚度也有所不同。Shieh (2004) 以台南白 16 個單交種為材料測量籽粒不同部位種皮厚度之變異，結果顯示不同基因型間種下皮的變異達極顯著差異，且同一籽粒不同部位種皮厚度也有差異，以冠蓋部分為最薄，其次為發芽面，最厚者為側邊部份。台南白同一族群內或不同族群間其種皮性狀均存在極大的變異範圍 (Shieh 2005a)。而不同的遺傳背景與胚乳型對玉米籽粒種皮厚度均有極顯著之影響 (Shieh 2005b)。

鮮食用玉米影響品質的主要因子有種皮的柔嫩度 (tenderness)、甜度 (sweetness) 和風味 (flavor) 等三項。而一般鮮食籽粒的柔嫩度與種皮的厚薄和含量有密切相關 (Ito & Brewbaker 1981)。

材料與方法

利用不同地區或來源 (PA 苗栗後龍、PB 台中霧峰、PC 南投草屯、PD 桃園新屋、PE 台中大里、PF 紫玉 478、PG 花蓮吉安、PH 台東市、PI 嘉義朴子鎮、PJ 彰化員林、PK 富農種苗、PL-PN 中國大陸、PO 嘉義新港、PP 南投名間、PQ-PR 中國大陸、PS 農友種苗) 之 19 個黑糯族群及 12 個白糯族群 (Wxpop 1-美珍 F2、Wxpop2-美珍 × CML76、Wxpop 3-美珍 × 台南白、Wxpop 4-印尼、Wxpop 5-中國大陸、Wxpop 6-中國大陸、Wxpop 7-中國大陸、Wxpop 8-中國大陸、Wxpop 10-越南、Wxpop 11-嘉義朴子、Wxpop 12-玉美珍、Wxpop 13-pwx93-5) 經人工自交 5 代，並根據株型與穗型及田間病蟲害抗性之表現所選留 390 個及 588 個之自交系種子為材料，種植於農試所試驗田進行自交系繁殖。田間設計為順序排列，單重複，每一自交系種植 20 穴，每穴播 2 粒，待發芽長至 20 cm 左右時進行間苗，每穴留 1 株，行長 6 m。單行區，行株距 80 cm × 30 cm。公頃三要素肥料量為 N：P_2O_5：K_2O = 200：90：60。氮素 60 kg 及磷、鉀肥全量於基肥時一次施用，其餘氮素 140 kg 則於齊膝期培土時施用。待生理成熟期後，採收果穗烘乾，每自交系取 10 粒扁平型且飽滿種子為材料。

玉米籽粒種皮剝取之方法，參考 Helm & Zuber (1970) 之報告稍作修正，其剝取及測定方法如下：達生理成熟期之種子，烘乾後稱其籽粒重，存放 10℃冷藏室內。剝皮時取出，將種子在室溫下浸水 2 天使種子質地變軟後，再以解剖刀進行剝取種皮。先切下頂蓋 (tip cop)，再沿著發芽面 (germinal) (胚所在之面) 切下發芽面之種皮，然後沿著非發芽面 (abgerminal) 切下非發芽面，最後取下冠蓋 (crown cap) 及兩邊 (sides) 之種皮。剝下之種皮放置於體積比為 1 水：3 甘油醇 (glycerol) 溶

液中，過夜。倒掉溶液，取出種皮，用吸水紙將果皮表面擦乾。利用厚薄計測量發芽面、非發芽面各上中下三點之厚度，以平均值 (μm) 記錄之。每粒籽粒調查的性狀包含有發芽面種皮厚度、非發芽面種皮厚度、冠蓋種皮厚度與平均種皮厚度等性狀。最後進行各個調查性狀之簡單統計介量之計算，如變域 (range) 及平均值 (mean) 等。

結　果

黑糯所有材料整體而言 (表 1)，經自交系培育過程選留 390 個自交系，發芽面種皮厚度之變異介於 29–117 μm，平均為 63.1 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 183 個，約佔 47%；非發芽面種皮厚度之變異介於 25–126 μm，平均為 68.1 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 126 個，約佔 32%；冠蓋種皮厚度之變異介於 21–103 μm，平均為 46.9 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 345 個，約佔 88%；整粒平均種皮厚度之變異介於 30–109 μm，平均為 59.4 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 218 個，約佔 56%。就發芽面種皮厚度而言，以 PF、PG、PH、PJ、PN 等族群較薄，而 PC、PE、PI、PQ、PR、PS 等族群較厚，同時具有較大的變異性。就非發芽

表 1. 黑糯各族群分離自交系籽粒不同部位種皮厚度之變異

Table 1. The tested number, range, and mean of inbred lines pericarp thickness in the different kernel surface of purple-glutinous maize varieties

		Germinal (μm)			Abgerminal (μm)			Crown (μm)			Average (μm)		
Varieties [z]	No.	Range	Mean	≦60	Range	Mean	≦60	Range	Mean	≦60	Range	Mean	≦60
PA	9	37–74	57.8	6	34–81	64.7	3	43–70	58.1	6	55–71	60.5	4
PB	19	47–79	62.7	6	46–78	63.1	7	30–90	58.9	9	42–77	61.4	8
PC	8	44–117	65.1	5	49–106	67.9	3	47–103	65.9	4	48–109	66.0	4
PD	6	52–85	60.0	5	54–73	60.5	4	51–64	57.8	5	56–74	59.7	5
PE	24	55–89	67.6	5	53–115	70.1	5	35–77	56.1	15	37–81	64.1	8
PF	25	38–83	54.2	20	40–74	57.2	15	27–66	44.8	23	38–71	52.1	19
PG	2	37–44	40.5	2	45–46	45.5	2	43–51	47.0	2	44–45	44.5	2
PH	3	34–45	38.0	3	25–49	35.3	3	21–32	28.3	3	30–46	36.3	3
PI	6	52–93	71.0	2	60–105	84.2	1	39–69	57.2	3	51–86	71.6	2
PJ	7	29–62	47.2	6	33–73	53.1	5	30–49	40.3	7	32–60	46.6	7
PK	15	3399	58.1	9	33–120	66.5	8	28–65	45.5	14	30–89	56.3	9
PL	14	37–86	56.1	9	34–93	54.6	8	28–64	43.1	14	36–76	49.9	11
PM	17	44–64	57.1	14	47–78	58.4	12	36–58	45.2	17	49–65	53.8	15
PN	1	45	45.0	1	44	44.0	1	36	36.0	1	42	42.0	1
PO	11	44–79	59.7	6	35–75	55.9	6	38–64	48.0	10	46–70	54.5	8
PP	39	35–84	56.5	26	39–81	58.7	20	28–64	42.9	38	37–72	52.9	29
PQ	25	46–101	65.8	10	57–114	76.7	4	35–71	51.4	20	44–94	64.7	11
PR	79	46–109	68.0	24	37–111	71.0	18	27–62	42.8	78	36–84	60.6	43
PS	80	43–96	69.6	24	46–126	80.8	11	28–67	44.4	76	45–91	65.0	29
Total	390	29–117	63.1	183	25–126	68.1	126	21–103	46.9	345	30–109	59.4	218

[z] PA: Miaoli population; PB: Taichung, Wufeng population; PC: Nataur, Tsaotwen; PD: Hulien population; PE: Taichung, Dali population; PF: Purple-yuh 478 variety; PH: Taitung population; PJ: Janghuah population; PI: Pohzyy population; PK: Fuhnong population; PL: China population; PM: China population; PN: China population; PO: Chiayi population; PP: Natour, Miujian population; PQ: China population; PR: China populatio; PS: Black pearl variety.

面種皮厚度而言，以 PG、PH、PJ、PL、PN 等族群較薄，而 PC、PE、PI、PK、PQ、PR、PS 等族群較厚，同時具有較大的變異性。就冠蓋種皮厚度而言，以 PF、PG、PH、PJ、PK、PL、PM、PN、PP、PR、PS 等族群較薄，而 PB 與 PC 族群較厚，同時有較大的變異。就整粒平均種皮厚度而言，以 PF、PG、PH、PJ、PL、PN 等族群較薄，而 PC、PE、PI、PQ、PR、PS 等族群較厚，同時具有較大的變異性。就籽粒不同部位而言，以冠蓋部位最薄，其次為發芽面，最厚者為非發芽面。

具有較薄種皮之族群詳述如下：黑糯 PF 族群經自交系培育過程選留 25 個自交系，發芽面種皮厚度之變異介於 38–83 μm，平均為 54.2 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 20 個；非發芽面種皮厚度之變異介於 40–74 μm，平均為 57.2 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 15 個；冠蓋種皮厚度之變異介於 27–66 μm，平均為 44.8 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 23 個；整粒平均種皮厚度之變異介於 38–71 μm，平均為 52.1 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 19 個。

黑糯 PG 族群經自交系培育過程選留 2 個自交系，發芽面種皮厚度之變異介於 37–44 μm，平均為 40.5 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 2 個；非發芽面種皮厚度之變異介於 45–46 μm，平均為 45.5 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 2 個；冠蓋種皮厚度之變異介於 43–51 μm，平均為 47 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 2 個；整粒平均種皮厚度之變異介於 44–45 μm，平均為 44.5 μm，2 個自交系皆小於 60 μm。

黑糯 PH 族群經自交系培育過程選留 3 個自交系，發芽面種皮厚度之變異介於 34–45 μm，平均為 38 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 3 個；非發芽面種皮厚度之變異介於 25–49 μm，平均為 35.5 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 3 個；冠蓋種皮厚度之變異介於 21–32 μm，平均為 28.3 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 3 個；整粒平均種皮厚度之變異介於 30–46 μm，平均為 36.3 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 3 個。

黑糯 PJ 族群經自交系培育過程選留 7 個自交系，發芽面種皮厚度之變異介於 29–62 μm，平均為 47.2 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 6 個；非發芽面種皮厚度之變異介於 33–73 μm，平均為 53.1 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 5 個；冠蓋種皮厚度之變異介於 30–49 μm，平均為 40.3 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 7 個；整粒平均種皮厚度之變異介於 32–60 μm，平均為 46.6 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 7 個。

黑糯 PL 族群經自交系培育過程選留 14 個自交系，發芽面種皮厚度之變異介於 37–86 μm，平均為 56.1 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 9 個；非發芽面種皮厚度之變異介於 34–93 μm，平均為 54.6 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 8 個；冠蓋種皮厚度之變異介於 28–64 μm，平均為 43.1 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 14 個；整粒平均種皮厚度之變異介於 36–76 μm，平均為 49.9 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 11 個。黑糯 PN 族群經自交系培育過程選留 1 個自交系，發芽面種皮厚度為 45 μm，非發芽面種皮厚度之為 44 μm，冠蓋種皮厚度為 36 μm，整粒平均種皮厚度為 42 μm。

白糯材料整體而言 (表 2)，經自交系培育過程選留 588 個自交系，發芽面種皮厚度之變異介於 37–185 μm，平均為 101.2 μm，小於 80 μm 的自交系數目有 187 個，約佔 31.8%；非發芽面種皮厚度之變異介於 33–240 μm，平均為 109 μm，小於 80 μm 的自交系數目有 189 個，約佔 32.1%；冠蓋種皮厚度之變異介於 32–198 μm，平均為 84.7 μm，小於 80 μm 的自交系數目有 233 個，約佔 39.6%；整粒平均種皮厚度之變異介於 34–204 μm，平均為 98.5 μm，小於 80 μm 的自交系數目有 171 個，約佔 29%。就發芽面種皮厚度而言，以 wxpop 2、wxpop 3、wxpop 6、wxpop 12、wxpop 13 等族群較薄，而

表 2. 白糯各族群分離自交系籽粒不同部位種皮厚度之變異

Table 2. The tested number, range, and mean of inbred lines pericarp thickness in the different kernel surface of white-glutinous maize varieties

		Germinal (μm)			Abgerminal (μm)			Crown (μm)			Average (μm)		
Varieties [z]	No.	Range	Mean	≦80	Range	Mean	≦80	Range	Mean	≦80	Range	Mean	≦80
wxpop 1	19	65–166	113.7	5	74–194	129.1	1	47–148	89.3	10	74–179	110.7	3
wxpop 2	18	63–101	80.2	9	78–121	94.0	2	32–95	63.0	15	62–100	79.1	9
wxpop 3	20	69–117	89.6	5	65–168	96.3	5	51–117	79.1	11	56–106	88.3	7
wxpop 4	12	85–156	111.7	0	103–173	118.3	0	71–122	94.5	2	95–126	108.1	0
wxpop 5	17	37–118	90.3	3	33–150	106.2	2	32–97	63.6	14	34–112	86.7	2
wxpop 6	16	58–111	81.3	8	47–141	92.1	4	41–77	55.4	16	49–100	76.2	10
wxpop 7	184	53–161	91.7	43	46–183	87.8	86	37–169	72.7	119	57–159	84.0	85
wxpop 8	56	59–177	118.9	7	57–216	105.1	13	43–131	79.8	30	59–179	101.3	12
wxpop 10	41	79–212	114.5	1	86–218	123.0	0	51–183	90.2	15	77–204	109.2	2
wxpop 11	9	82–185	156.7	0	88–210	172.1	0	79–198	159.7	1	83–193	162.8	0
wxpop 12	149	45–181	80.8	84	55–240	96.5	56	— [y]	—	—	45–187	88.7	64
wxpop 13	47	53–126	86.0	22	56–123	87.6	20	—	—	—	59–123	86.8	23
Total	588	37–185	101.2	187	33–240	109.0	189	32–198	84.7	233	34–204	98.5	217

[z] wxpop 1: Morrison variety; wxpop 2: Morrison × CML76; wxpop 3: Morrison × Tainan white; wxpop 4: Indonesia population; wxpop 5: China population; wxpop 6: China population; wxpop 7: China population; wxpop 8: China population; wxpop 10: Vietnam variety; wxpop 11: Poh-Tzyy population; wxpop 12: White pearl variety; wxpop 13: Pw × 93-5 variety.

[y] no data.

Wxpop 1、wxpop 4、wxpop 8、wxpop 10、wxpop 11 等族群較厚，同時具有較大的變異性。就非發芽面種皮厚度而言，以 wxpop 7、wxpop 13 等族群較薄，其次為 wxpop 2、wxpop 3、wxpop 6、wxpop 12，而 wxpop 11 族群最厚。就冠蓋種皮厚度而言，以 wxpop 2、wxpop 5、wxpop 6 等族群較薄，而 wxpop 11 族群最厚，同時具有較大的變異性。就整粒平均種皮厚度而言，以 wxpop 2、wxpop 3、wxpop 5、wxpop 6、wxpop 7、wxpop 12、wxpop 13 等族群較薄，其次為 wxpop 1、wxpop 4、wxpop 8、wxpop 10，而 wxpop 11 族群最厚。就籽粒不同部位而言，以冠蓋部位最薄，其次為發芽面，最厚者為非發芽面。

黑糯玉米各族群或品種依整粒平均種皮厚度小於 60 μm 所選留之自交系編號如表 3 所示，共有 218 個，可作為黑糯薄種皮高品質育種之材料。整體而言此批白糯呈現具有較厚之種皮厚度，白糯玉米各族群或品種整粒平均種皮厚度小於 80 μm 所選留之自交系編號如表 4 所示，共有 217 個，可作為白糯高品質薄種皮且高產育種之材料。

討　論

糯質玉米其胚乳屬臘質 (waxy) 隱性突變基因，澱粉成份以支鏈澱粉為主，籽粒黏稠性高，咀嚼時呈 QQ 的口感，是泰國、菲律賓、越南、柬埔寨、中國東南各省及台灣等國家的主要食用玉米，以往栽培品種多為天然混交種。台灣近來工商業發達，消費型態呈多元化，糯質玉米已受到重視，主要於糊熟期採收果穗，以水煮或碳烤處理後當作休閒食品。

玉米的消費利用方式有許多種，一般玉米果穗在未成熟前 (乳熟期) 採收而食用者，統稱為鮮食用玉米 (green corn)。美國加工製罐頭用的玉米大多採用甜玉米或超甜玉米等類型。而在熱帶地區，大部份鮮食用玉米係利用飼料玉米 (field corn) 在授粉後 20–25 天，正處於乳熟期階段的鮮果穗 (Brewbaker 1982)，或糯質玉米 (waxy)、甜玉米 (sugary, suary-2)、超甜

表 3. 黑糯玉米族群 (品種) 種皮厚度小於 60 μm 之自交系

Table 3. The inbred lines of pericarp thickness less than 60 μm of purple- glutinous maize

Population	Inbred line code
PA	PA-5, PA-10, PA-11, PA-12
PB	PB-2, PB-3, PB-6, PB-8, PB-9-2, PB-11-1, PB-11-2, PB-12
PC	PC-2, PC-13, PC-14, PC-20
PD	PD-1, PD-2, PD-4, PD-5, PD-6
PE	PE-6, PE-7, PE-10, PE-11, PE-26, PE-28, PE-31-2, PE-32
PF	PF-1, PF-3, PF-4-1, PF-4-2, PF-4-3, PF-4-4, PF-4-5, PF-5, PF-7, PF-8, PF-9, PF-10, PF-11, PF-15, PF-16, PF-23, PF-24, PF-25, PF-28
PG	PG-5-1, PG-6
PH	PH-2, PH-3, PH-4
PI	PI-4, PI-11
PJ	PJ-16, PJ-17, PJ-23-1, PJ-27, PJ-30, PJ-31, PJ-32
PK	PK-2, PK-18-1, PK-18-2, PK-19-1, PK-19-2, PK-20-1, PK-20-2, PK-20-3, PK-27
PL	PL-3, PL-7-1, PL-7-2, PL-8, PL-12-1, PL-12-2, PL-17-1, PL-17-2, PL-22, PL-24, PL-32-1
PM	PM-1, PM-2-1, PM-2-2, PM-3, PM-4-1, PM-4-2, PM-6, PM-10-1, PM-10-2, PM-12-1, PM-12-2, PM-13-1, PM-13-2, PM-14, PM-23
PN	PN-4
PO	PO-1, PO-2, PO-4, PO-5, PO-8, PO-9, PO-11-2, PO-13-2
PP	PP-1-1, PP-1-2, PP-1-3, PP-1-4, PP-2, PP-3-1, PP-3-2, PP-5, PP-8, PP-12-1, PP-12-2, PP-12-3, PP-12-4, PP-12-5, PP-12-6, PP-17-3, PP-18, PP-19-1, PP-19-2, PP-21, PP-23-1, PP-23-2, PP-24, PP-25-1, PP-25-2, PP-27-1, PP-27-2, PP-28, PP-32
PR	PR-1-1, PR-1-2, PR-2-2, PR-3-1, PR-3-2, PR-4-3, PR-5-1, PR-52, PR-7-1, PR-7-2, PR-8-1, PR-8-2, PR-8-4, PR-13, PR-15, PR-16-1, PR-16-3, PR-17, PR-20-1, PR-20-2, PR-21-2, PR-22-1, PR-22-2, PR-23-1, PR-23-2, PR-24-1, PR-25, PR-27-2, PR-29-2, PR-30-3, PR-31-1, PR-32-1, PR-32-2, PR-33-1, PR-34-1, PR-34-3, PR-35, PR-37-1, PR-37-2, PR-38-1, PR-39, PR-41-2,
PQ	PQ-4-2, PQ-5-1, PQ-6-1, PQ-6-2, PQ-7, PQ-8-1, PQ-10-2, PQ-11-2, PQ-12-1, PQ-12-2
PS	PS-3-1, PS-4-2, PS-6-2, PS-7-3, PS-8-2, PS-10-1, PS-10-2, PS-12-2, PS-12-3, PS-13-1, PS-14-1, PS-16-1, PS-17-2, PS-18-2, PS-19-1, PS-20-1, PS-21-1, PS-21-2, PS-21-3, PS-22-2, PS-23-4, PS-23-6, PS-25-1, PS-28-1, PS-28-2, PS-29-1, PS-29-3, PS-31-1, PS-32-2

玉米 (shrunken-2, brittle-1) 等類型之乳熟期果穗，以水煮或碳烤當作休閒食品。當果皮厚度超過 75 μm 時，在食用咀嚼時口感呈現粗糙，果皮殘渣多，一般較不會被消費者所接受。

前人的研究顯示不同類型的玉米其果皮的厚度有所差異，例如爆裂種玉米一般具有較厚之種皮，介於 139–175 μm (Richardson 1960)，而經選拔的甜玉米和超甜玉米雜交種其種皮厚度介於 40–60 μm (Tracy & Schmidt 1987)；國內未改良的台南白族群其種皮厚度介於 57–240 μm (Shieh 2005a)。本研究顯示不論是黑糯或白糯材料，不同遺傳背景之材料其種皮的厚度有明顯差異，與前人之研究 Wolf *et al.* (1969)、Ho *et al.* (1975) 與 Shieh (2004) 指出同一類型的玉米基因型不同其種皮的厚度也有明顯的差別之結果相符。

白糯材料籽粒不同部位比較可看出以冠蓋則具有較薄的種皮厚度，而發芽面種皮與非發

表 4. 白糯玉米族群 (品種) 種皮厚度小於 80 μm 之自交系

Table 4. The inbred lines of pericarp thickness less than 80 μm of white- glutinous maize

Population	Inbred line code
wxpop 1	wxpop 1-2, wxpop 1-4, wxpop1-14
wxpop 2	wxpop 2-1, wxpop 2-2, wxpop 2-3, wxpop 2-4, wxpop 2-7, wxpop 2-9, wxpop 2-12, wxpop 2-13, wxpop 2-14
wxpop 3	wxpop 3-6, wxpop 3-8, wxpop 3-10, wxpop 3-11, wxpop 3-12, wxpop 3-13, wxpop 3-18
wxpop 5	wxpop 5-16, wxpop 5-17
wxpop 6	wxpop 6-1, wxpop 6-2, wxpop 6-3, wxpop 6-4, wxpop 6-5, wxpop 6-8, wxpop 6-9, wxpop 6-10, wxpop 6-14, wxpop 6-16
wxpop 7	wxpop 7-3, wxpop 7-4, wxpop 7-5, wxpop 7-6, wxpop 7-16, wxpop 7-17, wxpop 7-19, wxpop 7-33, wxpop 7-34, wxpop 7-35, wxpop 7-36, wxpop 7-46, wxpop 7-48, wxpop 7-49, wxpop 7-50, wxpop 7-55, wxpop 7-57, wxpop 7-59, wxpop 7-60, wxpop 7-62, wxpop 7-63, wxpop 7-66, wxpop 7-67, wxpop 7-68, wxpop 7-69, wxpop 7-78, wxpop 7-79, wxpop 7-80, wxpop 7-82, wxpop 7-84, wxpop 7-87, wxpop 7-91, wxpop 7-92, wxpop 7-93, wxpop 7-94, wxpop 7-95, wxpop 7-96, wxpop 7-97, wxpop 7-113, wxpop 7-115, wxpop 7-116, wxpop 7-117, wxpop 7-119, wxpop 7-121, wxpop 7-122, wxpop 7-125, wxpop 7-132, wxpop 7-133, wxpop 7-134, wxpop 7-135, wxpop 7-136, wxpop 7-139, wxpop 7-140, wxpop 7-141, wxpop 7-142, wxpop 7-143, wxpop 7-144, wxpop 7-145, wxpop 7-146, wxpop 7-148, wxpop 7-149, wxpop 7-150, wxpop 7-152, wxpop 7-154, wxpop 7-155, wxpop 7-156, wxpop 7-157, wxpop 7-158, wxpop 7-159, wxpop 7-160, wxpop 7-161, wxpop 7-163, wxpop 7-164, wxpop 7-165, wxpop 7-168, wxpop 7-173, wxpop 7-174, wxpop 7-175, wxpop 7-177, wxpop 7-179, wxpop 7-180, wxpop 7-181, wxpop 7-183, wxpop 7-184
wxpop 8	wxpop 8-3, wxpop 8-10, wxpop 8-13, wxpop 8-15, wxpop 8-25, wxpop 8-28, wxpop 8-37, wxpop 8-42, wxpop 8-44, wxpop 8-46, wxpop 8-54, wxpop 8-55, wxpop 8-56
wxpop 10	wxpop 10-1, wxpop 10-4
wxpop 12	wxpop 12-2, wxpop 12-3, wxpop 12-4, wxpop 12-5, wxpop 12-6, wxpop 12-7, wxpop 12-13, wxpop 12-14, wxpop 12-15, wxpop 12-16, wxpop 12-18, wxpop 12-20, wxpop 12-21, wxpop 12-22, wxpop 12-24, wxpop 12-27, wxpop 12-28, wxpop 12-31, wxpop 12-36, wxpop 12-41, wxpop 12-55, wxpop 12-59, wxpop 12-60, wxpop 12-62, wxpop 12-63, wxpop 12-64, wxpop 12-65, wxpop 12-66, wxpop 12-71, wxpop 12-74, wxpop 12-75, wxpop 12-76, wxpop 12-77, wxpop 12-78, wxpop 12-79, wxpop 12-80, wxpop 12-83, wxpop 12-85, wxpop 12-89, wxpop 12-91, wxpop 12-92, wxpop 12-95, wxpop 12-96, wxpop 12-99, wxpop 12-101, wxpop 12-102, wxpop 12-104, wxpop 12-107, wxpop 12-109, wxpop 12-111, wxpop 12-112, wxpop 12-114, wxpop 12-120, wxpop 12-124, wxpop 12-127, wxpop 12-129, wxpop 12-130, wxpop 12-132, wxpop 12-135, wxpop 12-144, wxpop 12-145, wxpop 12-146, wxpop 12-147, wxpop 12-148
wxpop 13	wxpop 13-5, wxpop 13-6, wxpop 13-14, wxpop 13-17, wxpop 13-19, wxpop 13-20, wxpop 13-21, wxpop 13-23, wxpop 13-24, wxpop 13-25, wxpop 13-26, wxpop 13-28, wxpop 13-29, wxpop 13-32, wxpop 13-35, wxpop 13-37, wxpop 13-40, wxpop 13-42, wxpop 13-43, wxpop 13-44, wxpop 13-45, wxpop 13-46, wxpop 13-48

芽面種皮厚度相近。與 Wolf *et al.* (1952) 指出同一籽粒不同部位其種皮厚度的不一致之結論相類同。可能係因胚乳成長過成中不同的擴張程度所造成，較大的膨脹導致較薄的種皮 (Tracy & Schmidt 1987)。

黑糯整粒平均種皮厚度之變異介於 30–109 μm，平均為 59.4 μm，小於 60 μm 的自交系數目有 218 個，約佔 56%。就整粒平均種皮厚度而言，以 PF、PG、PH、PJ、PL、PN 等族群較薄，由其所分離之自交系被利用之潛能最大。白糯整粒平均種皮厚度之變異介於 34–204 μm，平均為 98.5 μm，因平均種皮厚度小於 60 μm 的自交系數量太少易造成遺傳變異狹隘，故放寬白糯玉米選留的範圍，小於 80 μm 的自交系數目有 217 個，約佔 29%。就整粒平均種皮厚度而言，以 wxpop 2、wxpop 3、

wxpop 5、wxpop 6、wxpop 7、wxpop 12、wxpop 13 等族群較薄，目前評估白糯以 wxpop 7、wxpop 12、wxpop 13 等族群之自交系被利用之潛能最大。黑糯與白糯比較顯示黑糯族群所分離之自交系具有較薄之種皮，可能所搜集之材料係為加工及飼料用的白糯所致。

引用文獻 (Literature cited)

Brewbaker, J. L. 1982. Genetic improvement in green corn. p.63–68. *in* the Proceeding of Symposium on Plant Breeding. Agric. Assn. of China (Taiwan) and SABRAO. (in Chinese with English abstract)

Brewbaker, J. L., L. B. Larish, and G. H. Zan. 1996. Pericarp thickness of the indigenous American races of maize. Maydica 41:105–111.

Earle, F. R., J. J. Curtis, and J. E. Hubbard. 1946. Composition of the component of the corn kernel. Cereal Chem. 44:601–606.

Helm, J. L. and M. S. Zuber. 1969. Pericarp thickness of dent corn inbred lines. Crop Sci. 9:803–804.

Helm, J. L. and M. S. Zuber. 1970. Effect of harvest date on pericarp thickness in dent corn. Can. J. Plant Sci. 50:411–413.

Ho. L. C., L. W. Kannenberg, and R. B. Hunter. 1975. Inheritance of pericarp thickness in short season maize inbreds. Can. J. Gene. Cytol. 17:621–629.

Ito, G. M. and J. L. Brewbaker. 1981. Genetic advance through mass selection for tenderness in sweet corn. J. Am. Soc. Horti. Sci. 106:496–499.

Richardson, D. L. 1960. Pericarp thickness in popcorn. Agron. J. 52:77–80.

Shieh, G. J. 2004. Thickness and surface area variations of Tainan-white maize pericarp. J. Agric. Res. China 53:201–206. (in Chinese with English abstract)

Shieh, G. J. 2005a. Pericarp characters variation of different Tainan-white maize population in Taiwan. J. Taiwan Agric. Res. 54:219–226. (in Chinese with English abstract)

Shieh, G. J. 2005b. Effect of endosperm type and genetic background on pericarp thickness in maize inbred lines. J. Taiwan Agric. Res. 54:227–234. (in Chinese with English abstract)

Shieh, G. J. 2006. Correlation analysis and variation of pericarp characters of Tainan-white maize inbred lines. J. Taiwan Agric. Res. 55:174–180. (in Chinese with English abstract)

Tracy, W. F. and W. C. Galinat. 1987. Thickness and cell layer number of the pericarp of sweet corn and some of its relatives. Hortscience 22:645–647.

Tracy, W. F. and D. H. Schmidt. 1987. Effect of endosperm type on pericarp thickness in sweet corn inbred. Crop Sci. 27:692–694.

Wolf, M. J., C. L. Buzan, M. M. MacMasters, and C. F. Rist. 1952. Structure of the mature corn kernel. Ⅱ. Microscopic structure of pericarp, seed coat, and hilar layer of dent corn. Cereal Chem. 29:334–348.

Wolf, M. J., I. M. Cull, J. L. Helm, and M. S. Zuber. 1969. Measuring thickness of excised mature corn pericarp. Agron. J. 61:777–779.

Variation of Pericarp Thickness in Inbred Lines of Glutinous Corn[1]

Guang-Jauh Shieh [2,3]

Abstract

Shieh, G. J. 2010. Variation of pericarp thickness in inbred lines of glutinous corn. J. Taiwan Agric. Res. 59:103–111.

Glutinous corn (*Zea mays*) is a popular fresh eating food in Taiwan. This study was conducted to determine difference of pericarp thickness in inbred lines of purple glutinous corn and white glutinous corns. Nineteen purple glutinous corn and 12 white glutinous corns were grown in a field at the Taiwan Agricultural Research Institute, Wufeng, Taichung in 2006. Physiologically matured inbred seeds produced by sibling, including 390 inbred lines from 19 purple glutinous corn and 588 inbred lines 12 white glutinous corn, were harvested and used in the study of pericarp thickness. Results showed significant differences ($p < 0.05$) in the thickness of pericarp among the inbred lines tested. Also, the thickness of pericarp varied with the area of a kernel, thin at the crown, but increase in thickness at the germinal side and abgerminal. In the purple glutinous corn, the inbred lines from varities of PF, PG, PH, PJ, PL, and PN had the trait of thin pericarp, and produced more lines with thin pericarp (< 60 μm) but the inbred lines from the varities of PC, PE, PI, PQ, PR, and PS had thicker pericarp. In the white glutinous corn, the inbred line the from the varities of wxpop 2, wxpop 3, wxpop 5, wxpop 6, wxpop 7, wxpop 12, and wxpop 13 had thin pericarp, and produced more inbred lines with pericarp thinner than 80 μm. In general, the pericarp of purple glutinous corn thinner than the pericarp of white glutinous corn. The wide range of variation of pericarp thickness suggests that some of the inbred lines are potential for varietal improvement of glutinous corn.

Key words: Maize, Glutinous corn, Pericarp thickness, Variation.

---

1. Contribution No.2401 from Taiwan Agricultural Research Institute (TARI), Council of Agriculture. Accepted: July 21, 2010.
2. Agronomist, Crop Science Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
3. Corresponding author, e-mail: x486045@wufeng.tari.gov.tw; Fax: (04)23399544.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 59(2):112–125 (2010)

超甜玉米自交系籽粒種皮厚度之變異與組合力分析 [1]

劉紹國[2] 謝光照[3,4]

摘　　要

劉紹國、謝光照。2010。超甜玉米自交系籽粒種皮厚度之變異與組合力分析。台灣農業研究 59:112–125。

熱帶型玉米品種華珍及彩珍所分離的自交系具有較薄的種皮，同時種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目也較多；其次為夏蜜、Pacific hybrid 5 與泰國 TN 103 等三個品種；種皮較厚者有 Pacific hybrid 10、雙魚與春蜜等品種，所分離種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目也較少。熱帶型品種籽粒不同部位的種皮厚度有明顯差異，大多品種以冠蓋最薄，其次為發芽面，較厚者為非發芽面部位。溫帶型品種好滋味、興農 3 號、金蜜與新吉士所分離的自交系具有較薄的種皮，同時種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目也較多；其餘品種表現相近，但種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目不少，可利用之材料亦較多。溫帶品種以冠蓋則具有較薄的種皮厚度，而發芽面種皮與非發芽面種皮厚度相近。熱帶型品種除華珍與彩珍外，大部份其種皮厚度較溫帶型品種厚。以熱帶型及溫帶型品種分離之 10 個自交系及全互交組合為材料進行組合力分析，顯示整粒平均種皮厚度呈現熱帶型 × 熱帶型為 > 熱帶型 × 溫帶型 > 溫帶型 × 溫帶型之趨勢。而低於 70 µm 者有 13 個組合，其中熱帶型 × 溫帶型有 7 個組合。整體而言，熱帶型自交系一般帶有較多增加鮮果穗產量之有利基因；而溫帶型自交系則帶有較多增加甜度及減少果皮厚度之有利基因。因此熱帶型 × 溫帶型之組合具有互補作用，為超甜玉米育種上理想之雜種優勢模式群。

關鍵詞：超甜玉米、熱帶型、溫帶型、種皮厚度。

前　　言

台灣甜玉米之栽培起於民國 45 年由美國引進夏威夷甜玉米試種，之後台南區農業改良場朴子玉米中心即開始進行甜玉米之育種工作，包含品種選育、品系育成、及雜交育種等改良工作，於民國 62 及 67 年分別育成甜玉米台南 13 及 14 號雜交品種，供推廣栽培。由於台南 13 及 14 號係屬於普通甜玉米，其胚乳突變基因為 *su1*，此類型之甜玉米糖分在 10°Brix

1. 行政院農業委員會農業試驗所研究報告第 2402 號。接受日期：99 年 7 月 21 日。
2. 行政院農業委員會農糧署蔬菜花卉科技正。台灣　南投縣　南投市。
3. 本所作物組研究員。台灣　台中縣　霧峰鄉。
4. 通訊作者，電子郵件: x486045@wufeng.tari.gov.tw；傳真: (04)23302806。

左右，鮮果穗採收後籽粒之糖份在室溫下易轉為澱粉，糖份因此減低極為明顯，且不耐貯藏，影響品質。市場無法拓展，種植面積不多。後來採用 *sh2* 胚乳突變型之超甜玉米種源，於民國 69 年育成超甜玉米台南 15 號，推廣以後曾受農民及消費者喜愛，栽培面積極速增加，盛於一時。後因興農種苗從國外引入許多新品種試種，國外品種品質優於國產品種，因此國產品種之市場乃為外國品種所取代。

成熟的玉米籽粒分為種皮、胚乳、胚和頂蓋 4 部份，其中種皮係由母本之子房壁發育而成，為籽粒最外層的保護組織，除了可防止胚受物理性及病原菌的傷害外，還可防止水分的散失與保護種子的生命力之功用。乾燥籽粒，其胚乳約佔整粒的 82.9%，胚佔 11.1%，種皮佔 5.3%，頂蓋佔 0.8%。而果皮的組成，大部分由纖維素和半纖維素所組成，約佔 86.7%；澱粉佔 7.3%；粗脂肪佔 1.0%；蛋白質佔 3.7%；粗灰分佔 0.8%；糖分佔 0.34% (Earle *et al.* 1946)。Brewbaker *et al.* (1996) 研究指出美國不同地區的地方品種間其種子種皮厚度有明顯的差異存在，同時非發芽面之果種厚度一般大於發芽面之厚度。

Brewbaker *et al.* (1996) 指出成熟玉米籽粒種皮厚度小於 50 μm 時，才能被高度接受為鮮食用玉米類。目前已知不同類型的玉米，如爆裂種 (Richarson 1960)、馬齒種玉米 (Helm & Zuber 1969; Ho *et al.* 1975)、甜玉米 (Tracy & Galinat 1987)、普通白玉米台南白 (Shieh 2006) 等其種皮厚度也有所不同。Shieh (2004) 以台南白 16 個單交種為材料測量籽粒不同部位種皮厚度之變異，結果顯示不同基因型間種皮的變異達極顯著差異，且同一籽粒不同部位種皮厚度也有差異，以冠蓋部分最薄，其次為發芽面，最厚者為側邊部份。台南白同一族群內或不同族群間其種皮性狀均存在極大的變異範圍 (Shieh 2005a)。不同的遺傳背景與胚乳型對玉米籽粒種皮厚度均有極顯著之影響 (Helm *et al.* 1970; Shieh 2005b)。

果皮柔嫩度主要是由果皮厚度決定 (Danicd *et al.* 1987; Azanza *et al.* 1996)，優良甜玉米的果皮厚度為 40–50 μm。Shieh (2005b) 認為胚乳突變之主效基因對果皮之厚薄有顯著的影響；從薄到厚的次序為 *su/se* < *su/su* < *sh2/sh2* < *Su/su* (Tracy & Schmida 1987)。Luo & Wu (2005) 研究顯示甜玉米籽粒 F_1 代與其親本自交系果皮層數相同，果皮厚度的不同係由於雜交種果皮細胞壁增厚而引起的，果皮厚度平均數較其兩個親本增厚或介於雙親之間，具有正向優勢效應。Wang *et al.* (2005) 指出超甜玉米的果皮厚度遺傳符以顯性效應較重要，控制該性狀基因對數至少有 3 對以上，狹義遺傳率 29.6%。

Zhang *et al.* (2008) 採用顯微測微法對 3 種不同基因型的 7 個玉米主要系及由它們配製的 4 個雜交組合 F_1 的果皮厚度變化規律研究結果，發現玉米籽粒發育過程中，果皮厚度呈曲線狀態變化。即授粉後隨著籽粒發育果皮逐漸變厚，到乳熟後期 (超甜玉米) 或糊熟期 (普甜玉米與普通玉米) 達最大值，然後隨著籽粒脫水，果皮細胞排列緊密而變薄。環境不會從根本上改變果皮厚度這一性狀，同一基因型內不同核背景材料間籽粒平均果皮厚度也有顯著與極顯著的差異，而雜交組合 F_1 代種子果皮厚度似乎有母體效應。

綜合言之，玉米果皮厚度為一複雜的性狀，其表現受基因與環境、母體與子代基因、核胚乳突變主效基因與核背景微效基因的多重作用，其遺傳機制尚待加強研究。鮮食用玉米影響品質的主要因子有種皮的柔嫩度 (tenderness)、甜度 (sweetness) 和風味 (flavor) 等三項。而一般鮮食籽粒的柔嫩度與種皮的厚薄和含量有密切相關 (Ito & Brewbaker 1981)。本研究使用由不同類型之超甜玉米品種

所分離的自交系為材料，所獲之訊息可作為超甜玉米育種上親本選擇之參考。

材料與方法

不同品種間之種皮厚度變異

18 個不同超甜玉米品種包含華珍 (Bright Jean)、Pacific hybrid 5 (PH 5)、Pacific hybrid 10 (PH 10)、彩珍 (Su Jean)、雙魚 (Two Fish)、春蜜 (Spring Honey)、夏蜜 (Summer Honey)、泰國 TN 103、興農 2 號 (Sinon 2)、興農 3 號 (Sinon 3)、興農 123 (Sinon 123)、Honey 236、興農 506 (Sinon 506)、好滋味 (Hao Zih Wei)、蜜珍 2 號 (Honey Jean 2)、金蜜 (Golden Honey)、Venus、神農 135 (Hen Nong 135)、新吉士 (Sin Ji Shih) 之 F_1 植株經人工自交 5 代，根據株型與穗型及病蟲害之田間表現所選取之自交系為材料，種植於農試所試驗田進行繁殖。田間設計為順序排列，單重複，每一自交系種植 20 穴，每穴 2 粒播，待發芽長至 20 cm 左右時進行間拔，每穴留一株，行長 6 m，單行區，行株距 80 cm × 30 cm。公頃三要素肥料量為 N：P_2O_5：K_2O = 150：90：60。氮素 60 kg 及磷、鉀肥全量放於基肥時一次施用，其餘氮素 140 kg 則於齊膝期培土時施用。待生理成熟期後，採收果穗烘乾。生理成熟期之種子，每自交系取 10 粒扁平型且飽滿種子為材料。所獲得之數據以單變數統計法 (Univariate Procedure) 進行各個性狀統計介量之分析。

種皮厚度之組合力分析

以 10 個商業品種分離至 S_5 的 10 個自交系及其全互交之 90 個 F_1 組合為材料，每組合取 10 粒扁平型且飽滿種子，利用電子式厚薄計 (PG-12) 測量發芽面、非發芽面各上中下 3 點之厚度，以平均值 (μm) 記錄之。每粒籽粒調查的性狀包含有發芽面種皮厚度 (μm)、非發芽面種皮厚度 (μm)、平均種皮厚度 (μm) 等性狀，並進行果皮厚度性狀之組合力遺傳分析。

玉米籽粒種皮剝取之方法，係參考 Helm & Zuber (1970) 之報告稍作修正，其剝取及測定方法如下：取達生理成熟期之種子，烘乾後稱其籽粒重，然後存放 10℃冷藏室內。剝皮時取出，將種子在室溫下浸水 2 天使種子質地變軟後，再以解剖刀進行剝取種皮。先切下頂蓋 (tip cop)，再沿著胚所在之發芽面 (germinal) 切下種皮，然後切下非發芽面 (abgerminal)，最後取下冠蓋 (crown cap) 及兩邊 (sides) 之種皮。剝下之種皮放置於體積比為 1 水：3 甘油醇 (glycerol) 溶液中，過夜。然後倒掉溶液，取出種皮，用吸水紙將種皮表面擦乾。利用電子式厚薄計測量發芽面、非發芽面各上中下 3 點之厚度，以平均值 (μm) 記錄之。每粒籽粒調查的性狀包含有發芽面種皮厚度 (μm)、非發芽面種皮厚度 (μm)、冠蓋種皮厚度 (μm) 及平均種皮厚度 (μm) 等性狀。

結　果

不同品種間之種皮厚度變異

本研究使用 18 個不同超甜玉米品種，其胚乳型均為 *sh2* 隱性突變基因，包含華珍、Pacific hybrid 5、Pacific hybrid 10、彩珍、雙魚、春蜜、夏蜜、泰國 TN 103、興農 2 號、興農 3 號、興農 123、Honey 236、興農 506、好滋味、蜜珍 2 號、金蜜、Venus、神農 135 及新吉士等。其中屬於熱帶型的品種有華珍、Pacific hybrid 5、Pacific hybrid 10、彩珍、雙魚、春蜜、夏蜜、TN 103 等 8 個，適合生長在較高溫之環境，耐熱性及抗病蟲性較佳，普遍具有植株強壯，生長旺盛，植株高大，葉片數多且葉片寬大，苞葉多，甜度稍低，果穗粗大，鮮果穗產量高之特性；而興農 2 號、興農 3 號、興農 123、Honey 236、興農 506、好滋味、蜜珍 2 號、金蜜、Venus、神農 135 及新吉士等溫帶型品種則具有植株較矮，葉片寬大短，葉片數少，苞葉數較少，甜度較高，果穗中等，耐熱性及抗病蟲性較差之特性。

上述之玉米品種經人工自交 5 代後之自交系進行種皮性狀之調查結果如表 1，熱帶型就發芽面種皮厚度的平均而言，以華珍及彩珍所分離自交系具有較薄的厚度，其次為夏蜜與泰國 TN 103，而 PH 5、PH 10、雙於與春蜜則較厚。分離的自交系種皮厚度小於 50 μm 的數目，以華珍、彩珍、夏蜜與 TN 103 等具有較高的比率。非發芽面種皮厚度的平均而言，以華珍及彩珍分離的自交系具有較薄的厚度，其次為夏蜜與，而 PH 5、PH 10、雙魚、春蜜與 TN 103 則較厚。分離的自交系種皮厚度小於 50 μm 的數目，以華珍、彩珍與夏蜜具有較高的比率。就整粒種皮厚度的平均而言，以華珍及彩珍分離的自交系具有較薄的厚度，其次為夏蜜，而 PH 10、雙魚與春蜜則較厚。分離的自交系種皮厚度小於 50 μm 的數目，以華珍、彩珍與夏蜜等具有較高的比率。具有較薄種皮之品種詳述如下：

華珍品種自交分離至 S_5 世代之自交系發芽面種皮厚度變異介於 18–78 μm，平均為 50 μm，種皮厚度小於 50 μm 的有 43 個；非發芽面種皮厚度變異介於 14–98 μm，平均為 43.2 μm，種皮厚度小於 50 μm 的有 54 個；冠蓋種皮厚度變異介於 10–78 μm，平均為 32.0 μm，種皮厚度小於 50 μm 的有 73 個；整粒平均種皮厚度變異介於 19–79 μm，平均為 41.7 μm，種皮厚度小於 50 μm 的有 63 個。

彩珍品種自交分離至 S_5 世代之自交系，發芽面種皮厚度變異介於 27–86 μm，平均為 52.5 μm，種皮厚度小於 50 μm 的有 105 個；

表 1. 不同品種玉米自交系果皮性狀之變異

Table 1. Pericarp thickness of inbreds derived from tropical type and temperate type super-sweet corn varieties

		Germinal (μm)			Abgerminal (μm)			Crown cap (μm)			Average (μm)		
Variety	No.	Range	≦50	Mean	Range	≦50	Mean	Range	≦50	Mean	Range	≦50	Mean
Tropical type													
Bright Jean	77	18–78	43	50.0	14–98	54	43.2	10–78	73	32.0	17–79	63	41.7
PH 5	69	40–116	9	73.3	40–156	4	86.8	28–88	48	47.4	37–109	7	69.1
PH 10	120	38–156	4	83.6	50–174	1	99.8	20–134	51	57.6	47–129	3	80.3
Su-Jean	235	27–86	105	52.5	34–100	87	55.9	—	—	—	31–93	83	54.2
Two-Fish	56	41–126	7	75.0	30–185	5	82.2	—	—	—	51–156	3	78.6
Spring-Honey	127	37–144	9	76.2	44–145	4	80.4	—	—	—	41–145	5	78.3
Summer-Honey	98	26–121	26	62.3	30–117	46	57.0	—	—	—	31–119	28	59.6
TN 103	106	30–117	30	62.9	47–134	3	86.5	—	—	—	39–121	7	74.7
Temperate type													
Sinon 2	118	30–110	31	63.3	26–120	37	61.6	20–92	79	46.5	27–102	41	57.1
Sinon 3	80	14–88	42	50.6	18–78	38	51.7	12–70	76	31.6	17–66	60	44.6
Sinon 123	51	36–80	17	55.4	29–98	17	56.6	24–80	46	37.5	34–76	24	49.8
Honey 236	50	18–98	15	59.0	20–88	18	56.2	18–70	41	36.2	20–73	23	50.4
Sinon 506	111	32–104	33	59.4	28–110	30	62.1	14–60	100	36.1	25–88	45	52.5
Hao Zih Wei	77	10–70	68	36.9	14–80	53	42.5	10–56	76	24.0	13–62	72	34.4
Honey Jean 2	65	24–96	20	58.0	24–106	29	55.0	20–76	53	41.4	29–81	32	51.4
Golden Honey	31	36–92	13	55.2	26–88	12	53.7	20–74	28	36.9	28–74	19	47.9
Venus	90	30–100	21	62.5	24–102	33	58.0	16–80	74	38.1	29–88	33	52.8
Hen Nong 135	110	28–110	28	63.6	26–106	41	57.2	16–104	89	43.0	24–88	44	54.6
Sin Ji Shih	85	26–96	33	54.6	24–90	42	53.5	14–48	85	29.2	21–70	55	45.7

非發芽面種皮厚度變異介於 34–100 μm，平均為 55.9 μm，種皮厚度小於 50 μm 的有 87 個；整粒平均種皮厚度變異介於 31–93 μm，平均為 54.2 μm，種皮厚度小於 50 μm 的有 83 個。

整體而言，熱帶型品種所分離的自交系，以華珍及彩珍所分離者具有較薄的種皮，同時種皮厚度小於 50 μm 的自交系數目也較多；其次為夏蜜、PH 5 與泰國 TN 103；種皮較厚者有 PH 10、雙魚與春蜜，種皮厚度小於 50 μm 的自交系數目也較少 (表 2)。熱帶型品種籽粒不同部位的種皮厚度有明顯差異，大多品種以冠蓋最薄，其次為發芽面，再其次為非發芽面。各熱帶型品種所分離種皮厚度小於 50 μm 之自交系 (表 2)，可作為超甜玉米育種材料。

溫帶型品種就發芽面種皮厚度的平均而言 (表 1)，以好滋味品種所分離之自交系具有最薄的種皮，其次為興農 3 號、興農 123 號、金蜜與新吉士，而興農 2 號、維納斯與神農 135 所分離之自交系則較厚。各品種所分離的自交系之種皮厚度小於 50 μm 的數目不少，以好滋味、興農 3 號、興農 123 號、金蜜與新吉士等具有較高的比率。就非發芽面種皮厚度的平均而言，以好滋味具有最薄的種皮，其次為興農 3 號、金蜜與新吉士，而興農 2 號、維納斯與神農 135 則較厚。各品種所分離的自交系之種皮厚度小於 50 μm 的數目不少，以好滋味、興農 3 號、興農 123 號、金蜜與新吉士等具有較高的比率。就冠蓋種皮厚度的平均而言，以好滋味具有最薄的種皮，其次為興農 3 號、興農 123 號、興農 236、興農 506、金蜜與新吉士，而興農 2 號與神農 135 則較厚。各品種所分離的自交系大部份之冠蓋種皮厚度多小於 50 μm，以好滋味、興農 3 號、興農 123 號、金蜜與新吉士等具有較高的比率。具有較薄種皮之品種詳述如下：

表 2. 熱帶型超甜玉米品種分離至 S_5 世代種皮小於 50 μm 自交系

Table 2. Inbred lines (5th generation) with thin pericarp (≦50 μm) selected from the tropical type of super sweet corn

Variety	Inbred line
Bright Jean	BJ-1, BJ-3, BJ-4, BJ-7, BJ-8, BJ-12, BJ-13, BJ-14, BJ-15, BJ-16, BJ-17, BJ-18, BJ-23, BJ-24, BJ-25, BJ-26, BJ-29, BJ-30, BJ-31, BJ-32, BJ-33, BJ-34, BJ-36, BJ-38, BJ-40, BJ-41, BJ-42, BJ-43, BJ-44, BJ-45, BJ-46, BJ-47, BJ-48-1, BJ-48-2, BJ-50, BJ-51, BJ-52, BJ-53, BJ-54, BJ-56, BJ-57, BJ-61, BJ-62, BJ-63, BJ64, BJ-65, BJ-67, BJ-68, BJ-69, BJ-70, BJ-71, BJ-72, BJ-73, BJ-74, BJ-75, BJ-76, BJ-77, BJ-78, BJ-79, BJ-80, BJ-81, BJ-82, BJ-83
Pacific hybrid 5	PH5-14, PH5-18, PH5-21, PH5-31, PH5-65, PH5-71, PH5-72
Pacific hybrid 10	PH10-84, PH10-116, PH10-128
Su- Jean	SJW-2, SJW-3, SJW-4, SJW-6, SJW-9, SJW-10, SJW-13, SJW-23, SJW-27, SJW-28, SJW-31, SJW35, SJW-36, SJW-37, SJW-50, SJW-53, SJW-54, SJW-55, SJW-60, SJW-63, SJW-65, SJW-67, SJW-68, SJW-67, SJW-79, SJW-82, SJW-88, SJW-90, SJW-92, SJW-93, SJW-94, SJW-100, SJW-102, SJW-108, SJW-112, SJW-113, SJW-114, SJW115, SJW-116, SJW-117, SJY-2, SJY-8, SJY-13, SJY-15, SJY16, SJY-22, SJY-23, SJY24, SJY-25, SJY-28, SJY-32, SJY-33, SJY-42, SJY-43, SJY-51, SJY-54, SJY-56, SJY-57, SJY-58, SJY-59, SJY-60, SJY-61, SJY-62, SJY-63, SJY-70, SJY-70, SJY72, SJY-73, SJY-74, SJY-76, SJY-77, SJY-78, SJY-80, SJY-81, SJY-82, SJY-84, SJY-90, SJY-98, SJY-99, SJY-100, SJY-103, SJY-104, SJY-105, SJY-106, SJY-109, SJY-111, SJY-117
Two-Fish	TF-26, TF-29, TF-31
Spring Honey	SH-50, SH-54, SH-57, SH-81, SH-88
Summer Honey	SUH-6, SUH-7, SUH-10, SUH-11, SUH-13, SUH-18, SUH-19, SUH-27, SUH-29, SUH-32, SUH-33, SUH-42, SUH-49, SUH-52, SUH-56, SUH-59, SUH-66, SUH-69, SUH-71, SUH-72, SUH-73, SUH-74, SUH-75, SUH-78, SUH-79, SUH-83, SUH-84, SUH-95
TN 103	TN 103-2, TN 103-18, TN 103-25-2, TN 103-37, TN 103-62, TN 103-63-1, TN 103-78

好滋味品種分離至 S_5 世代之自交系，發芽面種皮厚度變異介於 10–70 µm，平均為 36.9 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 68 個；非發芽面種皮厚度變異介於 14–80 µm，平均為 42.5 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 53 個；冠蓋種皮厚度變異介於 10–56 µm，平均為 24.0 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 76 個；整粒平均種皮厚度變異介於 13–62 µm，平均為 34.4 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 72 個。

金蜜品種分離至 S_5 世代之自交系，發芽面種皮厚度變異介於 36–92 µm，平均為 55.2 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 13 個；非發芽面種皮厚度變異介於 26–88 µm，平均為 53.7 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 12 個；冠蓋種皮厚度變異介於 20–74 µm，平均為 36.9 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 28 個；整粒平均種皮厚度變異介於 28–74 µm，平均為 47.9 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 19 個。

新吉士品種分離至 S_5 世代之自交系，發芽面種皮厚度變異介於 26–96 µm，平均為 54.6 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 33 個；非發芽面種皮厚度變異介於 24–90 µm，平均為 53.5 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 42 個；冠蓋種皮厚度變異介於 14–48 µm，平均為 29.2 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 85 個；整粒平均種皮厚度變異介於 21–70 µm，平均為 45.7 µm，種皮厚度小於 50 µm 的有 55 個。

整體而言，溫帶型品種所分離的自交系以好滋味、興農 3 號、金蜜與新吉士等品種具有較薄的種皮，同時種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目也較多；其餘品種表現相近但種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目不少，可利用之材料亦多 (表 3)。溫帶品種籽粒不同部位比較，以冠蓋則具有較薄的種皮厚度，而發芽面種皮與非發芽面種皮厚度相近。

種皮厚度之組合力分析

以 10 個商業品種分離至 S_5 之 10 個自交系及半互交之 90 個 F_1 組合為材料，進行種皮厚度性狀之遺傳分析。探討分析性狀之變異、平均值、組合力變方分析均方值、親本之 GCA 效應值、SCA 效應值、正反交效應值及雜種優勢值等，相關結果表現敘述如下：

發芽面種皮厚度雜交組合之變異幅度，在 45.0–164.5 µm，平均值為 91.84 µm (表 4)，最低者為 Venus 8 × 神農 135-6，最高者為神農 135-6 × PH 5-41。低於 70 µm 者有神農 135-6 × 華珍 12 等 13 個組合。高於 100 µm 者有 PH 10-113 × PH 10-23 等 19 個組合。

發芽面種皮厚度組合力變方分析顯示 (表 5)，組合間之特殊組合力及一般組合力皆呈極顯著差異，正反交效應則無差異存在。而各品種一般組合力效應值變異幅度從-16.43 至 24.59 間 (表 6)，由低至高依序為華珍 12、Venus8、蜜珍 2-7、金蜜-8、神農 135-6、SH-17、PH 10-23、PH 5-5、PH 10-113、PH 5-41。熱帶型品種多為正值，而溫帶型品種多負值。

發芽面種皮厚度特殊組合力具有差異，不同雜交種間特殊組合力效應值變異幅度從-19.78 至 20.21 µm 間 (表 6)，效應值最低者為 PH 10-23 × PH 5-41，最高者為 PH 10-23 × 金蜜 8。小於-10 µm 者有 PH 10-23 × PH 5-41、PH 5-5 × 蜜珍 2-7、PH 5-41 × 華珍 12，大於 10 µm 以上者為 PH 10-23 × 金蜜 8、SH-17 × PH 5-41、PH 5-41 × 神農 135-6 及蜜珍 2-7 × Venus 8。

發芽面種皮厚度型間之比較顯示，熱帶型品種 × 熱帶型品種具有最大值、其次為熱帶型 × 溫帶型，溫帶型 × 溫帶型具有最小值；熱帶型 × 熱帶型 > 熱帶型 × 溫帶型 > 溫帶型 × 溫帶型之趨勢。熱帶型品種一般組合力效應值皆為正值，而溫帶型品種一般組合力效應平均值皆為負值。不同型品種間特殊組合力效應值之間並無差異存在 (表 6)。

各雜交組合之非發芽面種皮厚度變異幅度在 40.7–159.7 µm，平均值為 87.71 µm (表 6)，

表 3. 溫帶型超甜玉米品種分離至 S_5 世代整粒平均種皮小於 50 μm 自交系

Table 3. Inbred lines (5 th generation) with thin pericarp (≦50 μm) selected from the temperate type of super sweet corn

Variety	Inbred line
Sinon 2	SL2-2-1, SL2-2-2, SL2-3, SL2-10, SL2-12-1, SL2-16-1, SL2-16-2, SL2-18-1, SL2-18-2, SL2-27, SL2-29, SL2-30, SL2-32, SL2-33, SL2-34, SL2-35-1, SL2-36-1, SL2-44, SL2-49, SL2-54, SL2-55, SL2-56-2, SL2-57-1, SL2-58, SL2-59, SL2-60, SL2-65-3, SL2-66-1, SL2-66-2, SL2-67, SL2-69, SL2-73, SL2-74, SL2-80, SL2-81-1, SL2-83, SL2-86, SL2-89, SL2-97-1, SL2-98, SL2-108-1
Sinon 3	SL3-2, SL3-6, SL3-8, SL3-9, SL3-10, SL3-13, SL3-14, SL3-15-1, SL3-15-2, SL3-16, SL3-19-2, SL3-21, SL3-24, SL3-25-1, SL3-26, SL3-29, SL3-31-1, SL3-31-2, SL3-32, SL3-33, SL3-34, SL3-35, SL3-36-1, SL3-37-1, SL3-40, SL3-41, SL3-42, SL3-43-1, SL3-43-2, SL3-44, SL3-45, SL3-46, SL3-48, SL3-49, SL3-50, SL3-54, SL3-55, SL3-56-2, SL3-57, SL3-59, SL3-64, SL3-65, SL3-67, SL3-68, SL3-69, SL3-71, SL3-73, SL3-75, SL3-76, SL3-77, SL3-78, SL3-80-1, SL3-80-2, SL3-82, SL3-84-1, SL3-84-2, SL3-90, SL3-91, SL3-94, SL3-95
Sinon 123	SL123-1-1, SL123-1-2, SL123-2, SL123-3, SL123-6-2, SL123-9, SL123-14, SL123-15, SL123-17, SL123-23-1, SL123-23-2, SL123-24, SL123-26, SL123-32-1, SL123-32-2, SL123-33-2, SL123-34-1, SL123-35, SL123-37, SL123-39-1, SL123-39-2, SL123-41, SL123-43-2, SL123-44-1
Honey 236	236-7, 236-20-1, 236-22, 236-23, 236-26, 236-28, 236-30, 236-32-1, 236-32-2, 236-33, 236-35, 236-38-2, 236-42, 236-43, 236-44, 236-46-1, 236-46-2, 236-48, 236-49-1, 236-50-1, 236-51, 236-52-1, 236-52-2
Sinon 506	506-3-2, 506-4, 506-7-1, 506-7-2, 506-8, 506-13-1, 506-14-2, 506-21-2, 506-24, 506-30-2, 506-32-1, 506-35, 506-37, 506-38-1, 506-38-2, 506-39-1, 506-39-2, 506-46, 506-47, 506-51, 506-52, 506-59, 506-60, 506-65, 506-66, 506-69, 506-70, 506-71, 506-72, 506-74, 506-78, 506-79-1, 506-79-2, 506-81-1, 506-82-2, 506-83, 506-85-2, 506-86, 506-87, 506-89, 506-91-1, 506-95, 506-96, 506-97-1, 506-97-2, 506-98
Hao Zih Wei	Hao-1, Hao-3-1, Hao-3-2, Hao-4-1, Hao-4-2, Hao-5, Hao-6, Hao-7, Hao-8, Hao-9, Hao-11-1, Hao-11-2, Hao-11-3, Hao-12-2, Hao-13, Hao-14, Hao-15, Hao-16, Hao-17, Hao-19, Hao-21, Hao-23-1, Hao-23-2, Hao-24-1, Hao-24-2, Hao-24-3, Hao-24-4, Hao-26, Hao-28, Hao-29, Hao-30-1, Hao-30-2, Hao-31-1, Hao-32, Hao-33, Hao-34-1, Hao-34-2, Hao-37-1, Hao-37-2, Hao-38, Hao-43-1, Hao-43-2, Hao-44-1, Hao-44-2, Hao-45, Hao-46, Hao-47, Hao-48-2, Hao-50, Hao-52, Hao-53, Hao-54, Hao-55-1, Hao-55-2, Hao-56, Hao-57-1, Hao-57-2, Hao-58-1, Hao-58-2, Hao-59-1, Hao-59-2, Hao-60-1, Hao-60-2, Hao-62-1, Hao-62-2, Hao-63-1, Hao-63-2, Hao-65, Hao-67-1, Hao-67-2, Hao-68
Honey Jean 2	MJ-7, MJ-10, MJ-11, MJ-12, MJ-13-1, MJ-14, MJ-15-1, MJ-15-2, MJ-16-1, MJ-16-2, MJ-18, MJ-19, MJ-20, MJ-22, MJ-26-1, MJ-26-2, MJ-31-1, MJ-31-2, MJ-32, MJ-40, MJ-43, MJ-51, MJ-52, MJ-53-2, MJ-54, MJ-55, MJ-56, MJ-57, MJ-59, MJ-60-2, MJ-63, MJ-69
Golden Honey	JM-1, JM-2, JM-3-1, JM-3-2, JM-4, JM-9, JM-10, JM-12, JM-17, JM-26, JM-29, JM-39, JM-44, JM-51, JM-53, JM-59, JM-61, JM-62, JM-66
Venus	V-5, V-7, V-8, V-11, V-22, V-23, V-24, V-29, V-39, V-40, V-50, V-51-1, V-51-2, V-58, V-59, V-62, V-63-1, V-63-2, V-69, V-71-2, V-75, V-76, V-77, V-79, V-82, V-83, V-87, V-88, V-96, V-97, V-98, V-100
Hen Nong 135	135-3, 135-4, 135-10-2, 135-11, 135-16-1, 135-16-2, 135-20-1, 135-22-1, 135-24-1, 135-33-1, 135-34, 135-35-1, 135-39-1, 135-39-2, 135-40-2, 135-41, 135-42, 135-43, 135-44, 135-46-1, 135-46-2, 135-47, 135-48, 135-49-1, 135-52, 135-53, 135-58, 135-62-1, 135-62-2, 135-63-1, 135-63-2, 135-64-2, 135-67-1, 135-67-2, 135-68-1, 135-68-2, 135-71, 135-72-1, 135-72-2, 135-73, 135-76-2,135-79-1, 135-80-1, 135-81-2, 135-82-2
Sin Ji Shih	SN-1-1, SN -3, SN-4, SN-7, SN-11-1, SN-11-2, SN-12-1, SN-12-2, SN-13, SN-14, SN-17-2, SN-18, SN-19-2, SN-20-1, SN-20-2, SN-22, SN-25-1, SN-25-2, SN-27, SN-29-1, SN-29-2, SN-29-3, SN-31-1, SN-31-2, SN-32-1, SN-33, SN-34, SN-35, SN-36, SN-37, SN-39-2, SN-42-2, SN-43-1, SN-44, SN-46-1, SN-46-2, SN-47, SN-48-1, SN-48-2, SN-49-1, SN-51-1, SN-51-2, SN-52, SN-57, SN-58, SN-59, SN-60, SN-62, SN-63-1, SN-63-2, SN-64, SN-65, SN-67-1, SN-67-2, SN-68, SN-69

表 4. 超甜玉米品種間雜交組合發芽面種皮厚度之平均值 (μm)

Table 4. Germinal pericarp thickiness (μm) of super sweet corn hybrids from crosses of 10 × 10 diallel set

Combination	PH 10-23	PH 10-113	PH 5-5	SH-17	PH 5-41	BJ 12	HN135-6	GH 8	HJ 2-7	Venus 8
PH 10-23	101.7	126.5	90.7	75.2	93.5	72.5	81.0	119.7	75.2	85.2
PH 10-113	116.5	124.0	126.0	103.7	136.2	80.7	115.2	94.0	103.5	77.5
PH 5-5	122.5	103.7	114.2	105.2	107.0	79.0	96.5	83.2	77.5	72.7
SH-17	115.5	122.0	92.7	84.2	134.2	63.7	92.0	75.2	80.5	84.2
PH 5-41	107.2	129.7	155.0	121.7	144.7	84.2	164.5	95.7	98.0	94.0
BJ 12	81.2	105.0	83.5	98.7	84.2	74.7	75.5	57.2	58.2	61.7
HN 135-6	81.0	112.7	95.0	83.5	111.2	64.5	70.5	87.2	79.7	83.7
GH 8	93.2	99.0	98.2	73.5	114.0	80.7	73.2	59.0	67.2	67.5
HJ 2-7	86.2	96.5	67.5	78.5	132.0	59.7	78.0	95.0	68.5	83.2
Venus 8	74.5	95.7	96.0	75.0	93.7	67.5	45.0	59.7	82.0	70.2

$LSD_{0.05}$ = 17.8

表 5. 超甜玉米品種間雜交組合發芽面、非發芽面與平均種皮厚度組合力變方分析之均方值

Table 5. Means square values of analysis of variance (ANOVA) for pericarp thickness germinal and abgerminalsides of seed of super-sweet corns

SOV	Df	Germinal	Abgerminal	Average
GCA	9	3755** [z]	2621**	4889**
SCA	45	1480**	205	162
RE	45	115	171	154
Error	300	186	169	101
GCA/SCA		2.89	12.72	30.17

[z] ** Significant at 0.01 probability level.

表 6. 超甜玉米自交系發芽面種皮厚度之 GCA 效應值 (對角線) 與各雜交組合之 SCA 效應值 (上三角)

Table 6. Eastimated value of general combining ability effects (GCA) of inbred lines and specific combining ability effects (SCA) for germinal pericarp thickness (μm) of F_1 hybrid super sweet corn from 10 × 10 diallel set

Combination	PH 10-23	PH 10-113	PH 5-5	SH-17	PH 5-41	BJ 12	HN 135-6	GH 8	HJ 2-7	Venus 8
PH 10-23	3.29	7.95	3.65	-0.74	-19.78	-2.25	-5.55	20.21	-4.95	-0.79
PH 10-113		17.98	-2.15	2.69	-1.22	-0.32	8.38	-3.84	0.23	-8.10
PH 5-5			7.40	-0.60	7.48	-1.37	0.70	0.98	-16.69	0.21
SH-17				0.55	11.20	5.48	-0.44	-8.54	-2.84	2.31
PH 5-41					24.59	-17.30	16.64	-2.08	8.61	-7.74
BJ 12						-16.43	-1.20	3.06	-6.35	4.30
HN 135-6							-4.00	1.89	1.09	-8.37
GH 8								-9.28	8.61	-6.22
HJ 2-7									-9.85	15.73
Venus 8										-14.89

S.E. $(G_i - G_j)$ = 0.05
S.E. $(S_{ij} - S_{ik})$ = 12.16
S.E. $(S_{ij} - S_{kl})$ = 11.46

最低者為 Venus 8 × 神農 135，最高者為 PH 5-41 × PH 5-5。低於 70 μm 者有神農 135-6 × 華珍 12 等 18 個組合。高於 100 μm 者有 PH 10-113 × PH 10-23 等 25 個組合。

非發芽面種皮厚度組合力變方分析顯示 (表 7)，組合間之特殊組合力呈極顯著差異，而一般組合力無差異，正反交效應亦無差異存在。而各自交系一般組合力效應值變異幅度從 -19.55 至 31.70 間 (表 8)，由低至高依序為華珍 12、Venus 8、金蜜-8、神農 135-6、蜜珍 2-7、PH 10-23、SH-17、PH 5-5、PH 10-113 及 PH 5-41。

不同雜交種間之非發芽面種皮厚度特殊組合力效應值變異幅度從 -23.27 至 30.81 μm 間 (表 8)，效應值最低者為 PH 10-23 × PH 5-41，最高者為 SH-17 × PH 5-41。小於 -10 μm 者有 PH 10-23 × PH 5-41 等 7 個組合。大於 10 μm

表 7. 超甜玉米品種間雜交組合非發芽面種皮厚度 (μm)

Table 7. Abgerminal pericarp thickness (μm) of hybrids from different crosses of super sweet corn

Combinations	PH 10-23	PH 10-113	PH 5-5	SH-17	PH 5-41	BJ 12	HN 135-6	GH 8	HJ 2-7	Venus 8
PH 10-23	107.0	129.2	93.0	78.0	102.7	63.5	80.0	111.7	64.5	88.5
PH 10-113	141.0	149.7	115.5	106.7	136.5	81.7	100.5	100.0	116.5	87.7
PH 5-5	105.5	119.7	123.2	98.0	125.2	74.5	91.2	92.0	73.0	76.0
SH-17	120.7	128.5	112.7	78.0	180.5	65.7	97.5	77.5	90.2	97.2
PH 5-41	104.0	156.0	159.7	142.2	159.7	100.7	109.7	101.2	111.5	95.5
BJ 12	79.5	110.5	73.7	96.0	83.7	66.2	69.5	56.7	57.7	55.7
HN 135-6	78.2	108.7	81.2	85.5	92.2	59.7	63.5	79.0	70.7	87.0
GH 8	89.7	92.7	82.2	73.7	110.2	66.0	58.2	56.5	58.7	59.7
HJ 2-7	78.0	93.7	72.7	83.5	141.0	53.7	68.7	85.5	71.0	76.7
Venus 8	76.7	91.0	93.5	86.5	97.5	63.7	40.7	57.5	63.2	59.0

$LSD_{0.05}$ = 18.1

表 8. 超甜玉米自交系非發芽面種皮厚度之 GCA (對角線) 與各 F_1 雜交 SCA (上三角) (μm)

Table 8. Eastimated value of general combining ability effects (GCA) of inbred lines and specific combining ability effects (SCA) for abgerminal pericarp thickness (um) of F_1 hybrid of super sweet corn from10 × 10 diallel set

Variety	PH 10-23	PH 10-113	PH 5-5	SH-17	PH 5-41	BJ 12	HN 135-6	GH 8	HJ 2-7	Venus 8
PH 10-23	3.14	16.18	-3.20	-2.62	-23.27	-3.88	-3.30	19.3	-11.99	3.86
PH 10-113		24.00	-5.69	-5.23	-1.25	-0.12	1.33	-5.92	1.01	-10.24
PH 5-5			7.52	-0.99	11.48	-5.63	-0.55	1.31	-14.74	1.61
SH-17				7.05	30.81	1.58	5.15	-9.72	-0.28	9.20
PH 5-41					31.70	-11.69	-9.95	-4.24	-14.44	-10.82
BJ 12						-19.55	4.89	2.64	-4.79	3.44
HN 135-6							-12.50	2.84	2.15	0.76
GH 8								-13.50	5.33	-3.48
HJ 2-7									-11.69	6.08
Venus 8										-16.18

S.E. (G_i-G_j) = 4.12
S.E. (S_{ij}-S_{ik}) = 12.36
S.E. (S_{ij}-S_{kl}) = 11.65

以上者為 PH 10-23 × PH 10-113、PH 10-23 × 金蜜 8、PH 5-5 × PH 5-41、SH-17 × PH 5-41、PH 5-41 × 蜜珍 2-7。

非發芽面種皮厚度平均值之比較顯示，熱帶型 × 熱帶型具有最大值、其次為熱帶型 × 溫帶型，溫帶型 × 溫帶型具有最小值；熱帶型 × 熱帶型 > 熱帶型 × 溫帶型 > 溫帶型 × 溫帶型之趨勢。熱帶型品種一般組合力效應值皆為正值，而溫帶型品種一般組合力效應平均值皆為負值。不同型間特殊組合力效應值之間並無差異存在 (表 11)。

雜交組合整粒種皮厚度之變異幅度在 43.0–157.7 μm，平均值為 91.95 μm (表 9)，最低者為 Venus 8 × 神農 135-6，最高者為 PH 5-41 × PH 5-5。低於 70 μm 者有神農 135-6 × 華珍 12 等 13 個組合。

整粒果皮厚度組合力變方分析顯示 (表 8)，組合間之特殊組合力呈極顯著差異，一般組合力及正反交效應則皆無差異存在。而各品種一般組合力效應值變異幅度從-18.34 至 28.05 μm 間 (表 10)，由低、至高依序為華珍 12、Venus 8、金蜜-8、蜜珍 2-7、神農 135-6、SH-17、

表 9. 超甜玉米品種間雜交組合整粒平均種皮厚度 (μm)

Table 9. Average of whole kernel pericarp thickness (μm) from different crosses of super sweet corn

Combinations	PH 10-23	PH 10-113	PH 5-5	SH-17	PH 5-41	BJ 12	HN 135-6	GH 8	HJ 2-7	Venus 8
PH 10-23	104.5	138.2	92.0	77.0	98.2	68.2	85.7	117.2	70.2	87.2
PH 10-113	129.2	137.0	121.0	105.5	136.5	81.2	108.0	97.2	110.2	83.0
PH 5-5	114.2	117.5	119.0	101.7	116.2	77.0	94.0	88.0	75.5	74.7
SH-17	118.2	123.2	103.0	81.5	157.7	65.0	95.0	76.5	85.5	91.2
PH 5-41	105.7	143.0	157.7	132.2	152.5	92.7	128.2	98.7	105.2	95.0
BJ 12	85.7	92.5	78.7	97.7	82.5	73.5	72.7	57.2	58.0	59.0
HN 135-6	80.0	110.7	88.2	84.7	102.0	62.5	67.0	83.5	76.0	85.7
GH 8	91.7	96.0	90.5	73.7	112.5	73.7	66.2	58.0	63.2	61.5
HJ 2-7	82.5	95.5	70.5	81.2	136.7	57.0	76.0	90.5	70.0	80.5
Venus 8	75.7	93.5	95.2	80.7	96.0	65.5	43.0	58.7	72.7	64.7

$LSD_{0.05}$ = 13.9

表 10. 超甜玉米各品種雜交 F_1 平均整粒果皮厚度之 GCA (對角線) 與 SCA 效應值 (上三角) (μm)

Table 10. Eastimated value of general combining ability effects (GCA) of inbred lines and specific combining ability effects (SCA) for whole kernel pericarp thickness (μm) of F_1 hybrid of super sweet corn from10 × 10 diallel set

Combination	PH 10-23	PH 10-113	PH 5-5	SH-17	PH 5-41	BJ 12	HN 135-6	GH 8	HJ 2-7	Venus 8
PH 10-23	4.26	16.67	-0.84	-2.30	-22.37	-0.97	-5.21	19.58	-9.25	0.79
PH 10-113		20.75	-1.20	-2.04	-1.11	-7.59	4.79	-4.77	0.76	-8.94
PH 5-5			7.64	-0.92	9.24	-3.47	-0.34	0.96	-16.00	0.92
SH-17				3.60	21.28	4.06	2.44	-9.12	-1.59	5.96
PH 5-41					28.05	-14.14	3.24	-3.07	11.58	-8.99
BJ 12						-18.34	2.14	3.19	-5.51	4.16
HN 135-6							-8.23	2.46	2.87	-3.81
GH 8								-11.41	6.92	-4.90
HJ 2-7									-10.69	10.88
Venus 8										-15.62

S.E. (G_i-G_j) = 3.18
S.E. $(S_{ij}-S_{ik})$ = 9.55
S.E. $(S_{ij}-S_{kl})$ = 9.00

表 11. 不同型間之平均值、GCA 與 SCA 之比較表

Table 11. Mean, general combining ability (GCA) effect and specific combining ability (SCA) effect of the three seed pericarp traits (germinal, abgerminal and average) in different types of super sweet corns

	Germinal			Abgerminal			Average		
Type [z]	Mean	GCA	SCA	Mean	GCA	SCA	Mean	GCA	SCA
Trop.		633			8.97			7.66	
Temp.		-9.50			-13.46			-11.48	
Trop. × Trop.	109.27		-0.48	115.56		-0.23	112.0		-0.38
Trop. × Temp.	88.72		-0.14	85.47		-1.96	87.34		-0.35
Temp. × Temp.	72.15		2.12	62.30		2.28	67.85		2.40

[z] Type of super sweet corn. Trop.: Tropical type; Temp.: Temperate.

PH 5-5、PH 10-23、PH 10-113 及 PH 5-41，而熱帶型品種一般組合力效應平均值為 7.66 μm，皆為正值，溫帶型一般組合力效應平均值為 -11.487 μm，皆為負值，型間平均果皮厚度一般組合力具有差異。

不同雜交種間之整粒種皮厚度不同雜交種間特殊組合力效應值變異幅度從-22.37 至 21.28 μm 間 (表 10)，效應值最低者為 PH 10-23 × PH 5-41，最高者為 SH-17 × PH 5-41。小於-10 μm 者有 SH-17 × PH 5-41、PH 5-5 × 蜜珍 2-7 及 PH 5-41 × 華珍-12，大於 10 μm 以上者為 PH 10-23 × PH 10-113、PH 10-23 × 金蜜-8 、SH-17 × PH 5-41、PH 5-41 × 蜜珍 2-7 及蜜珍 2-7 × Venus 8。

整粒種皮厚度平均值之比較顯示，熱帶型 × 熱帶型具有最大值、其次為熱帶型 × 溫帶型，溫帶型 × 溫帶型具有最小值；呈現熱帶型 × 熱帶型 > 熱帶型 × 溫帶型 > 溫帶型 × 溫帶型之趨勢。熱帶型品種一般組合力效應值皆為正值，而溫帶型品種一般組合力效應平均值皆為負值，型間具有明顯差異。不同型間特殊組合力效應值之間並無差異存在 (表 11)。

討　論

玉米的消費利用方式有許多種，一般玉米果穗在未成熟前 (乳熟期) 採收而食用者，統稱為鮮食用玉米 (green corn)。美國加工製罐頭用的玉米大多採用甜玉米或超甜玉米等類型。而在熱帶地區，大部份鮮食用玉米係利用飼料玉米 (field corn) 在授粉後 20–25 天，正處於乳熟期階段的鮮果穗 (Brewbaker 1982)，或糯質玉米 (waxy) 及甜玉米 (sugary, sugary-2)、超甜玉米 (shrunken-2, brittle-1) 等類型之乳熟期果穗，以水煮或碳烤當作休閒食品或當蔬菜用。

甜玉米有普通甜玉米與超甜玉米之分。普通甜玉米係由 *su2* 基因所控制，其糖份在 8–10%左右，具有較多之水溶性多糖含量，但適宜的採收期特別短，通常只有 1–2 天時間，而且收穫後糖份迅速轉化為澱粉，品質下降。超甜玉米係由 *sh2* 基因所控制，其水溶性多糖含量較少，但蔗糖含量是普通甜玉米的 2 倍，其顯著的優點為甜度增加，採收期及貯存期相對延長，一般可達 1 週左右。

對於甜玉米來說，種皮厚度是一個重要性狀，果皮的厚薄與甜玉米籽粒的質地有密切關係，種皮愈薄，籽粒質地愈柔嫩。Helm *et al.* (1970) 及 Tracy & Schmidt (1987) 指出胚乳突變基因對種皮厚度有顯著影響，*su2* 突變體的種皮較厚，而 *sh2* 突變體的種皮較薄。本研究之結果與 Tracy & Schmidt (1987) 及 Shieh (2005b) 均指出不同遺傳背景對甜玉米自交系種皮的厚薄有顯著的影響相符。

所使用熱帶型品種不同，其所分離的自交系種皮厚度的平均值也有所差異，整體比較顯示以華珍及彩珍品種具有較薄的種皮，同時種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目也較多；其次為夏蜜、PH 5 與泰國 TN 103；種皮較厚者有 PH 10、雙魚與春蜜，種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目也較少。熱帶型品種籽粒不同部位的種皮厚度有明顯差異，大多品種以冠蓋最薄，其次為發芽面，再其次為非發芽面，本試驗與 Shieh (2004) 利用普通白玉米台南白自交系為材料之結果相類似。

前人的研究亦顯示不同類型的玉米其種皮的厚度有所差異，例如爆裂種玉米一般具有較厚之種皮，介於 139–175 µm (Richardson 1960)，而經選拔的甜玉米和超甜玉米雜交種其種皮厚度介於 40–60 µm (Tracy & Schmidt 1987)；國內未改良的台南白族群其種皮厚度介於 57–240 µm (Shieh 2005a)。而同一類型的玉米基因型不同，其種皮的厚度也有明顯的差別 (Wolf *et al.* 1969; Ho *et al.* 1975)。而溫帶型品種所分離的自交系，整體比較，以好滋味、興農 3 號及金蜜具有較薄的種皮，同時種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目也較多；其餘品種表現相近，但種皮厚度小於 50 µm 的自交系數目不少，可利用之材料亦較多。溫帶品種以冠蓋具有較薄的種皮厚度，而發芽面種皮與非發芽面種皮厚度相近。Wolf *et al.* (1952) 指出同一籽粒不同部位其種皮厚度的不一致。可能係因胚乳成長過成中不同的擴張程度所造成，較大的膨脹導致較薄的種皮 (Tracy & Schmidt 1987)。

由於超甜玉米係當作蔬菜用，其內含物以蔗糖含量及水份較多，澱粉等固形物含量少，故當種皮厚度超過 75 µm 時，在食用咀嚼時口感呈現粗糙，果皮殘渣多，一般較不會被消費者所接受。所以在超甜玉米育種時，須先進行選取薄果皮之自交系 (小於 50 µm)，再進行產量組合力與品質選拔，所選留之新雜交組合其籽粒才會具有較薄之種皮。

本試驗第二部分對種皮厚度研究結果顯示，無論發芽面、非發芽面或整粒種皮厚度，皆呈現熱帶型 × 熱帶型 > 溫帶型 × 熱帶型 > 溫帶型 × 溫帶型之趨勢，組合力中 GCA 均方值呈極顯著差異，SCA 均方值除發芽面呈極顯著差異外，餘皆差異不顯著。GCA 之效應值，3 種種皮厚度熱帶型皆呈現正值，溫帶型為負值之結果，SCA 效應值及正反效應值各型組合間無差異存在。本試驗之結果與 Huelsen (1954) 認為種皮嫩度是多基因的控制及胚乳突變之主效基因對種皮之厚薄有顯著的影響相似，及 Wang *et al*. (2005) 指出超甜玉米的種皮厚度遺傳符合加性-顯性模型，顯性效應起主要作用具有減量作用，控制該性狀基因對數至少有 3 對以上之結論相類似。

綜合本試驗之結果顯示超甜玉米種原存在溫帶型與熱帶型間之產量雜種優勢模式，且熱帶及亞熱帶玉米具有豐富的遺傳多樣性與溫帶型玉米種質交流少，遺傳變異較大，溫帶與熱帶異型間之雜交組合，不論在一般組合力或特殊組合力上，皆大於同型間之組合，可產生較強的雜種優勢，大幅提高產量 (Liu *et al.* 2009)，即熱帶型與溫帶型間產量，熱帶型品種為正效應居多，溫帶型品種為負效應居多；而果皮厚度性狀，熱帶型品種為正效應居多，溫帶型品種為負效應居多。故溫帶型 × 熱帶型之雜種優勢模式群可以充份利用於超甜玉米育種上材料的選擇與組配上，以建立適合於亞熱帶台灣之基礎種原材料，並可供育種之參考與利用。

引用文獻 (Literature cited)

Brewbaker, J. L. 1982. Genetic improvement in green corn. p.63–68. *in* the Proceeding of Symposium on Plant Breeding. Agric. Assn. of China (Taiwan) and SABRAO.

Brewbaker, J. L., L. B. Larish, and G. H. Zan. 1996. Pericarp thickness of the indigenous American races of maize. Maydica 41:105–111.

Earle, F. R., J. J. Curtis, and J. E. Hubbard. 1946. Composition of the component of the corn kernel. Cereal Chem. 44:601–606.

Helm, J. L., D. V. Glover, and M. S. Zuver. 1970. Effect of endosperm mutants on pericarp thickness in corn. Crop Sci.10:195–196.

Helm, J. L. and M. S. Zuber. 1970. Effect of harvest date on pericarp thickness in dent corn. Can. J. Plant Sci. 50:411–413.

Helm, J. L. and M. S. Zuber. 1969. Pericarp thickness of dent corn inbred lines. Crop Sci. 9:803–804.

Ho. L. C., L. W. Kannenberg, and R. B. Hunter. 1975. Inheritance of pericarp thickness in short season maize inbreds. Can. J. Gene. Cytol. 17:621–629.

Ito, G. M. and J. L. Brewbaker. 1981. Genetic advance through mass selection for tenderness in sweet corn. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 106:496–499.

Liu, S. K., G. J. Shieh, and F. S. Thseng. 2009. Studies on heterotic patterns of super sweet corn varieties in Taiwan. J. Taiwan Agric. Res. 58:39–44. (in Chinese with English abstract)

Luo, G. L. and Z. K. Wu. 2005. Analysis of main quality characters of multiple recessive homozygotes of sweet corn. J. Maize Sci. 13:6–9. (in Chinese with English abstract)

Richardson, D. L. 1960. Pericarp thickness in popcorn. Agron. J. 52:77–80.

Shieh, G. J. 2004. Thickness and surface area variations of Tainan-white maize pericarp. J. Agric. Res. China 53:201–206. (in Chinese with English abstract)

Shieh, G. J. 2005a. Pericarp characters variation of different Tainan-white maize population in Taiwan. J. Taiwan Agric. Res. 54:219–226. (in Chinese with English abstract)

Shieh, G. J. 2005b. Effect of endosperm type and genetic background on pericarp thickness in maize inbred lines. J. Taiwan Agric. Res. 54:227–234. (in Chinese with English abstract)

Shieh, G. J. 2006. Correlation analysis and variation of pericarp characters of Tainan-white maize inbred lines. J. Taiwan Agric. Res. 55:174–180. (in Chinese with English abstract)

Tracy, W. F. and W. C. Galinat. 1987. Thickness and cell layer number of the pericarp of sweet corn and some of its relatives. Hortscience 22:645–647.

Tracy, W. F. and D. H. Schmidt. 1987. Effect of endosperm type on pericarp thickness in sweet corn inbred. Crop Sci. 27:692–694.

Wang, X. M., Z. W. Xie, M. H. Zeng, and S. J. Le. 2005. Heterosis and inheritance analysis of ear shape and quality characters in super sweet corn. Sci. Agric. Sin. 38:1931–1936. (in Chinese with English abstract)

Wolf, M. J., C. L. Buzan, M. M. MacMasters, and C. F. Rist. 1952. Structure of the mature corn kernel. Ⅱ. Microscopic structure of pericarp, seed coat, and hilar layer of dent corn. Cereal Chem. 29:334–348.

Wolf, M. J., I. M. Cull, J. L. Helm, and M. S. Zuber. 1969. Measuring thickness of excised mature corn pericarp. Agron. J. 61:777–779.

Zhang, S. L., S. M. Zhou, I. F. Wang, and I. X. Li. 2008. Research on variation of pericarp thickness of sweet maize kernel. J. South China Agric. Univ. 29:10–13. (in Chinese with English abstract)

Variation and Combining Ability of the Traits for Pericarp Thickness in Inbreds of Super-Sweet Corn[1]

Shao-Kuo Liu[2] and Guang-Jauh Shieh[3,4]

Abstract

Liu, S. K. and G. J. Shieh. 2010. Variation and combining ability of the traits for pericarp thickness in inbreds of super-sweet corn. J. Taiwan Agric. Res. 59:112–125.

The number of inbred lines with thin pericarp (< 50 μm in thickness) varied among the tropical type of super-sweet corn (*Zea mays*) investigated:high in the varieties, Bright Jean and Su-Jean, moderately high in the varieties Summer-Honey, PH 5 and TN 103 and low in the varieties PH 10, Two-Fish, and Spring-Honey. The thickness of pericarp also varied with different areas of the same corn kernel:thin at the crown cap, moderately thick at the germinal side, and thick at the abgerminal. In the temperate type of super-sweet corn, the varieties Hao Zih Wei, Sinon 3, Golden honey and Sin Ji Shih, produced more inbred lines with thin pericarp (< 50 μm in thickness) than the other varieties tested. Result of analysis of a full diallel set of crossing combination (90 crosses) of 10 inbred lines (5 tropical type and 5 temperate type). Results showed the average pericarp hickness of each kernel was the highest for the seeds of tropical type × tropical type (112.0 μm in thickness), followed by the seeds of tropical type × temperate type (87.34 μm in thickness) and temperate type × temperate type (68.75 μm in thickness). Among the 13 crosses with seed pericarp thinner than 70 μm, seven crosses were from the tropical type × temperate type. Therefore, the possibility of breeding super-sweet corn with yield and good quality (sweetness and thin pericarp) would be increased by selections from crosses between tropical and temperate type of corn.

Key words: Super-sweet corn, *Zea mays*, Tropical type, Temperate type, Pericarp thickneness.

---

1. Contribution No.2402 from Taiwan Agricultural Research Institute (TARI), Council of Agriculture. Accepted: July 21, 2010.
2. Specialist, Vegetable and Flower Section, Agricultural and Food Agency, Council of Agriculture, Nantou-Hsien, Taiwan, ROC.
3. Associate Agronomist, Crop Science Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
4. Corresponding author, e-mail: x486045@wufeng.tari.gov.tw; Fax: (04)23302806.

勘誤 台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 59(2):126–133 (2010)

銀耳多醣於改善便秘之動物模式評估 [1]

陳鯤兆 [2] 吳昭慧 [3] 廖俊旺 [2,3] 楊淑惠 [4,5]

摘　要

陳鯤兆、吳昭慧、廖俊旺、楊淑惠。2010。銀耳多醣於改善便秘之動物模式評估。台灣農業研究 59:126–133。

已知銀耳多醣具強大保水力及物理特性，頗具有開發為便秘改善劑之潛在應用性。本研究以每日 2 次皮下注射藥物 2 mg/kg Loperamide 誘導大鼠腸蠕動降低而導致便秘症狀發生為負控制組，並同時給予體重 1%或 5%銀耳多醣粉末，添加於粉狀飼料為實驗組，另以皮下注射生理食鹽水為正控制組，實驗時間共 14 天，以評估在飲食中添加銀耳多醣對於大鼠便秘症狀的改善情形及盲腸菌相。結果顯示，大鼠在給藥後給予 1%或 5%銀耳多醣，其排糞量、糞便總乾重及糞便含水量 (%) 與負對照組相比具有顯著性增加。盲腸內容物菌調查顯示，實驗組的產氣莢膜梭菌菌數顯著低於負向對照組。綜合以上評估，銀耳多醣飲食具有改善 Loperamide 藥物誘導大鼠便秘症狀作用，對人體亦可能有潛在的改善功效。

關鍵詞：銀耳、多醣、便秘、動物模式。

前　言

便秘是糞便長時間滯留在大腸中，導致水分被吸收、糞便體積縮小，造成排便次數減少，及排便困難或疼痛的情形。據統計西方社會有 10–20%的成年人自認為有便秘現象，這個數字與瀉劑的使用比率有一致性 (Kamma 2003)；在德國的調查中便秘人口更超過 27% (Tack *et al.* 2009)，便秘常見於年長者、需長期照護者、內科就醫患者及住院病人，現階段處理便秘問題，經常使用緩瀉劑及灌腸 (Syed 2007)。緩瀉劑之全球銷售總額超過 10 億美金，顯示便秘是常見而擾人的胃腸道問題，然而經常使用緩瀉劑及灌腸的人，會致使胃腸運動紊亂，影響個人生活品質 (Staiano *et al.* 2000)。我國中藥方劑中的「防風聖散」加上大腸生理回饋之訓練 (Su *et al.* 1997) 或「六磨湯」(Wang *et al.* 1997) 對於慢性機能性便秘具一定有療效；食用纖維質或多醣也有改善排便障礙的效果，如「合成難消化性寡醣與聚糊精」可明顯降低糞便中對甲酚含量並改善排便障礙 (Liu *et al.* 1994)；研究顯示食用蒟蒻多醣 (Konjac glucomannan)

---

1. 行政院農業委員會農業試驗所研究報告第 2403 號。接受日期：99 年 7 月 30 日。
2. 中興大學獸醫病理生物學研究所研究助理、副教授。台灣　台中市。
3. 中興大學動物疾病診斷中心研究助理、副教授。台灣　台中市。
4. 本所鳳山熱帶園藝試驗分所經營利用系助理研究員。台灣　高雄縣　鳳山市。
5. 通訊作者，電子郵件：debbie@fthes-tari.gov.tw；傳真：(07)7315590。

可以增加糞便的水份含量及短鏈脂肪酸的濃度，降低糞便的酸鹼值 (Chen *et al.* 2006)；車前子 (Psyllium) 含可溶性及不可溶性纖維，可以顯著改善年長者的便秘問題 (Syed 2007)。

我們的前試驗研究顯示 (Yang 2007, 2008)，萃取自銀耳子實體的銀耳多醣，具有良好的保水力及化學穩定性。經有便秘困擾者的試用顯示，每日攝食 2–5 g 的多醣粉末 (溶於 300 mL 之液體後食用)，可以促進每日正常排便，有效改善便秘症狀。已知大鼠注射 Loperamide 可降低腸道蠕動，引起腸內容物停留腸內時間過長，並導致糞便含水量降低之動物便秘模式，達到誘發大鼠產生便秘現象 (Efskind *et al.* 1996; Schiller *et al.* 1984; Shimotoyodome *et al.* 2000)。本試驗主要目的即以動物模式探討銀耳多醣於 Loperamide 藥物誘導大鼠產生便秘症狀之情況下，評估其應用於維持腸胃道正常功能之可行性。

材料與方法

試驗樣品

銀耳子實體乾品原料，復水後以熱萃取方式進行萃取，經離心、過濾，收集萃取液為粗銀耳多醣 (TP, *Tremella* polysaccharide)，再經烘乾，打粉，於室溫貯存備用。供試驗用銀耳多醣爲黃白色乾燥粉末，水份含量 13%，灰分含量 0.4%，總醣量 93% (Phenol sulfuric acid method)，微量蛋白含量 0.69% (Lowry's method)，可溶性纖維量 98% (Megazyme k-TDFR kits)，分子量約 (1.6–2.0) × 10^6 Dalton (GPC method)，其單糖組成以甘露糖 (mannose) 為主，包括木糖 (xylose)、葡萄糖 (glucose) 及少量葡萄糖醛酸 (glucuronic acid) (Baets *et al.* 2001)。

試驗動物

以 Sprague-Dawley (SD) 品系雄性大鼠為試驗動物，購自樂斯科公司，試驗時大鼠為 8 週齡，體重約 350 g。試驗期間給予充足的飼料及逆滲透飲水，動物飼育室控制狀況為溫度 22–25℃，相對溼度 50–70%及 12 小時光/12 小時暗之光照週期。實驗動物使用與操作均依據『實驗動物管理與使用指南』之規範進行 (Yu *et al.* 2005) 並經中興大學動物實驗管理小組審查核准 (IACUC No.97-14)。

動物分組

本次試驗將大鼠分為 4 組，每組 8 隻，分別為第 1 組：正對照組 (positive control, saline plus blank diet)；第 2 組：負對照組 (Negative control, Loperamide plus blank diet)；實驗組分 2 組，第 3 組：銀耳多醣低劑量組 (Loperamide plus 1% TP in diet)；第 4 組：銀耳多醣高劑量 (Loperamide plus 5% TP in diet)。

試驗方法

對照組僅以皮下注射生理食鹽水 (saline)，一天兩次，並餵予粉狀飼料 (LabDiet 5001, Rodent diet, Purina Mills LLC, St. Louis, MO, USA)；負對照組每隻大鼠皮下注射 Loperamide 2 mg/kg (溶於生理食鹽水)，一天兩次，連續 14 天誘發便秘 (各針劑於每日上午 9 點及下午 6 點兩個時段給予)，並餵予空白粉狀飼料；銀耳多醣處理組除皮下注射 Loperamide 2 mg/kg，一天兩次，連續 14 天外，同時餵予含有體重 1%及 5%的銀耳多醣粉狀飼料。

評估項目

體重變化：第 0、1、4、7、10 及 14 天以電腦電子天平稱大鼠體重，最後計算其每組體重平均值以及標準差。

飼料消耗量分析：於試驗第 0 及 7 天，定量給予新鮮粉狀飼料，第 7 及 14 天以電子天平秤當週飼料剩餘量，並以原始總量減去剩餘飼料量，即為每週飼料消耗量。

糞便收集及分析：於試驗第 0、1、4、7、10 及 14 天早上收集各大鼠糞便，記錄糞便量

及總溼重，並將糞便放入封口袋置於-20℃先行保存，再將其放入 60℃烘箱內烘乾 24 小時，再秤其總乾重，計算糞便含水量 (%) = {[溼重 (g) − 乾重 (g)] ÷ 溼重 (g)} × 100。

菌相分析

第 14 天試驗結束時，大鼠以 CO_2 安樂死後，全身以 70%酒精噴濕消毒，在無菌操作台內解剖取出盲腸 (cecum) 容物，秤取約 0.5 g，加入含 4.5 mL 無菌厭氧稀釋液之試管中 (內含 5 粒玻璃珠)，取適當稀釋倍數，以表面塗抹法 (spread plate method) 加入 Bifidobacteria iodoacetate medium-25 (BIM-25® Agar, Creative Media Products, Ltd, Taiwan)、Rogosa 及 Tryptose-sulfite-cycloserine (TSC® Agar, Creative Media Products, Ltd, Taiwan) 培養基中，置於厭氧盒 (Generbox® JAR, Japanese) 中於 37℃培養 48 小時後計數益菌雙叉桿菌 (*Bifidobacteria*)、乳酸桿菌 (*Lactobacilli*) 及有害菌產氣莢膜梭菌 (*Clostridium perfringens*)，大腸桿菌 (*Escherichia coli*)則以表面塗抹法加入 Eosin Methylene Blue (EMB® Agar, Creative Media Products, Ltd, Taiwan) 培養基中，置 37℃一般培養箱 24 小時後計數落數。

統計分析

試驗期間各組之體重變化，依體重 (g) 或增重 (g 或%)、糞便重變化，以統計分析軟體 Microsoft Excel 進行 LSD test 比較分析，其組間顯著差異水準為 $P < 0.05$。

結　果

飼料消耗量

試驗結束後秤取飼料殘餘量，以 250 g 原飼料重相減，得到一週飼料消耗量，如表 1 所示。第一週正對照組、負對照組、銀耳多醣低劑量組及高劑量組飼料消耗量分別為 (177.6 ± 6.8) g、(168.9 ± 10.3) g、(177.1 ± 19.8) g 及 (172.6 ± 8.2) g，各組間並無顯著性差異 ($P > 0.05$)。第二週正對照組、負對照組、銀耳多醣低劑量組及高劑量組飼料消耗量分別為 (214.3 ± 25.5) g、(177.1 ± 22.5) g、(188.7 ± 19.0) g 及 (194.7 ± 19.8) g，飼料消耗量於負對照組與對照組相比具顯著性減少 ($P < 0.05$)。

體重變化

負對照組自第 10 天起至第 14 天，與正對照組相比體重即有顯著性減輕的現象，前者體重為 (355.8 ± 9.2) g、(373.7 ± 8.6) g，後者為 (387.1 ± 10.5) g、(415.6 ± 10.8) g。給予低及高劑量銀耳多醣組自試驗開始到結束體重，與正對照組相比較未有顯著性差異 ($P > 0.05$)，如表 2 所示。

表 1. 大鼠每週飼料消耗量

Table 1. Effect of *Tremella* polysaccharide diet on food-consumption in rats

Treatment [z]	Day 7 (g)	Day 14 (g)
C	177.6 ± 6.8 a [y]	214.3 ± 25.5 a
NC	168.9 ± 10.3 a	177.1 ± 22.5 b
TPL	177.1 ± 19.8 a	188.7 ± 19.0 b
TPH	172.6 ± 8.2 a	194.7 ± 19.8 ab

[z] C, control (saline plus blank diet); NC, negative control (loperamide plus blank diet); TPL, 1% Tremella polysaccharide (loperamide plus 1% TP in diet); TPH, 5% Tremella polysaccharide (loperamide plus 5% TP in diet).
[y] Mean ± standard error (n = 8).

表 2. 大鼠體重、糞便總濕重、糞便總乾重及糞便含水量

Table 2. Body weight, fecal weight, dry stool weight, and water content of fecal pellets of rats collected during the 14 days of feeding trial

		Days after treatment				
Character of rats	Treatment [z]	1	4	7	10	14
Body weight (g)	C	332.2 ± 10.1 a [y]	354.9 ± 10.1 a	358.5 ± 10.3 a	387.1 ± 10.5 a	415.6 ± 10.8 a
	NC	332.3 ± 5.0 a	343.3 ± 7.4 a	341.7 ± 6.5 a	355.8 ± 9.2 a	373.7 ± 8.6 b
	TPL	338.1 ± 6.4 a	351.0 ± 7.2 a	356.3 ± 6.9 a	369.7 ± 8.3 a	387.2 ± 6.6 b
	TPH	332.0 ± 5.5 a	353.6 ± 6.4 a	359.8 ± 8.2 a	378.5 ± 9.8 a	392.5 ± 9.9 ab
Fecal weight (g)	C	9.6 ± 0.8 a	11.2 ± 1.3 a	9.2 ± 0.5 bc	12.5 ± 0.8 a	12.0 ± 0.9 a
	NC	6.4 ± 1.0 b [x]	5.9 ± 0.7 b	7.2 ± 0.7 c	7.9 ± 0.6 b	7.8 ± 0.6 b
	TPL	7.8 ± 0.5 ab	8.9 ± 0.5 a	11.4 ± 1.7 ab	11.5 ± 1.3 a	14.1 ± 2.0 a
	TPH	9.1 ± 0.9 a	10.7 ± 1.2 a	14.4 ± 1.7 a	13.1 ± 1.2 a	15.3 ± 0.9 a
Dry stool weight (g)	C	5.5 ± 0.5 a	6.2 ± 0.4 a	5.1 ± 0.4 a	6.8 ± 0.5 a	7.1 ± 0.6 ab
	NC	3.8 ± 0.5 b	3.7 ± 0.4 c	4.4 ± 0.4 a	5.0 ± 0.4 b	5.7 ± 0.3 b
	TPL	4.4 ± 0.3 ab	5.2 ± 0.4 b	5.6 ± 0.4 a	6.2 ± 0.3 a	7.0 ± 0.8 ab
	TPH	4.5 ± 0.3 a	4.9 ± 0.2 b	6.7 ± 0.9 a	6.8 ± 0.4 a	8.2 ± 0.4 a
Water contents of feces (%)	C	43.3 ± 3.4 a	41.4 ± 3.3 b	44.8 ± 1.0 a	45.4 ± 2.5 a	40.8 ± 1.7 a
	NC	37.5 ± 3.4 a	37.3 ± 1.7 b	38.3 ± 1.7 a	36.5 ± 3.0 a	27.0 ± 2.1 b
	TPL	43.0 ± 2.4 a	41.5 ± 2.6 b	47.6 ± 3.2 a	43.6 ± 3.0 a	48.2 ± 3.7 a
	TPH	48.9 ± 2.6 a	50.7 ± 4.3 a	52.4 ± 5.8 a	47.0 ± 2.4 a	45.1 ± 3.3 a

[z] C, control (saline plus blank diet); NC, negative control (loperamide plus blank diet); TPL, 1% Tremella polysaccharide (loperamide plus 1% TP in diet); TPH, 5% Tremella polysaccharide. (loperamide plus 5% TP in diet).

[y] Mean ± standard error (n = 8).

[x] Significantly different at 5% level by LSD test compared with negative control group.

糞便收集與分析

糞便總濕重：觀察給藥後第 14 天的糞便，如圖 1 所示，正對照組、銀耳多醣低劑量組及銀耳多醣高劑量組糞便外觀較為潮濕而呈現深褐色，負對照組則較為乾燥而呈淺褐色。收集並計錄糞便濕重結果如表 2 所顯示，在給藥後第 1、4、7、10 及 14 天，負對照組糞便濕重 (5.9 ± 0.7) g 至 (7.9 ± 0.6) g 與正對照組 (9.2 ± 0.5) g 至 (12.5 ± 0.8) g 相比，負對照組糞便濕重有顯著性下降。銀耳多醣低及高劑量組於給藥後糞便濕重，前者為 (7.8 ± 0.5) g 至 (14.1 ± 2.0) g，後者為 (9.1 ± 0.9) g 至 (15.3 ± 0.9) g 與負對照組相比有顯著性增加；與正對照組相比則差異不顯著 ($P > 0.05$) 。

糞便總乾重：於試驗後第 1、4、7、10 及 14 天收集之糞材，以烘箱烘乾水分後得到糞便乾重，以電子天平稱重，得到糞便總乾重。如表 2 結果顯示，在給藥後第 1 天負對照組糞便總乾重 (3.8 ± 0.5) g 與正對照組 (5.5 ± 0.5) g 相比即有顯著性差異；在給藥後第 7、10 及 14 天，高劑量組糞便總乾重 (6.7 ± 0.9) g、(6.8 ± 0.4) g 及 (8.2 ± 0.4) g 與負對照組 (4.4 ± 0.4) g、(5.0 ± 0.4) g 及 (5.7 ± 0.3) g 相比較有顯著性增加 ($P < 0.05$)，顯示給予高劑量銀耳多醣會增加大鼠的排便總重；試驗期間銀耳多醣低及高劑量組在其糞便總乾重與正對照組相比無顯著性差異。

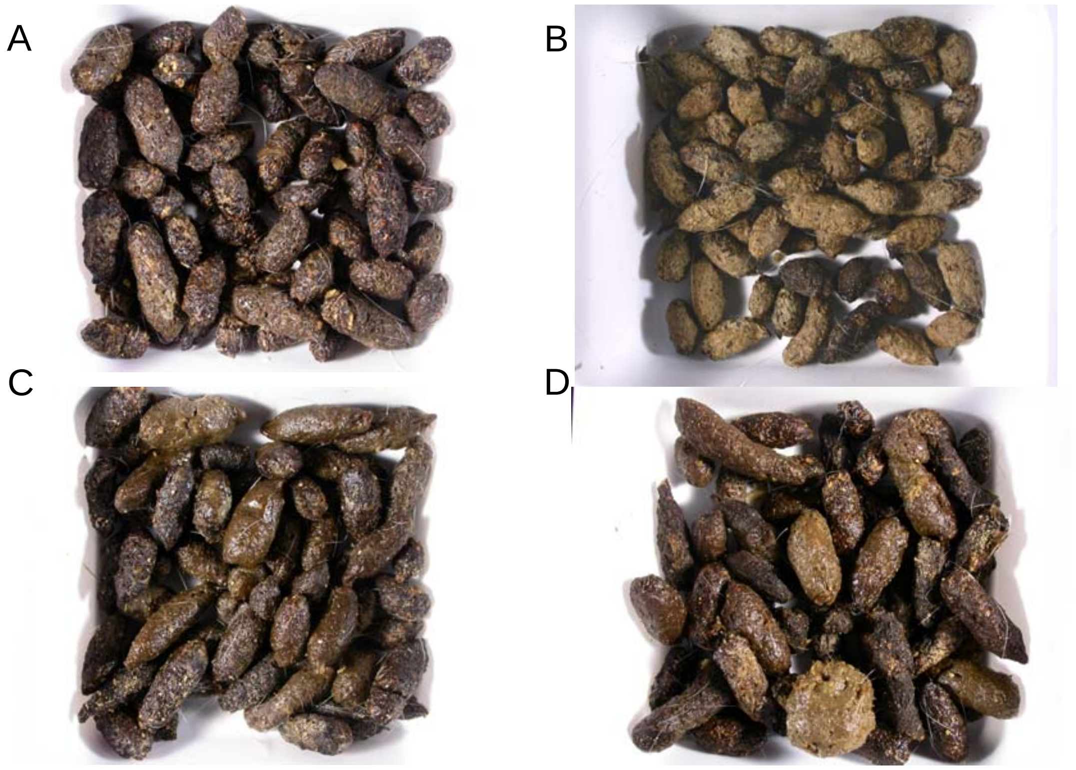

圖 1. 第 14 天各組大鼠糞便外觀。(A) 正對照組；(B) 負對照組；(C) 銀耳多醣低劑量 (1%) 組；(D) 銀耳多醣高劑量 (5%) 組。

Fig. 1. Fecal pellets of rats in each group were collected on 14th day. (A) positive control (saline plus blank diet); (B) negative control (loperamide plus blank diet); (C) TPL (loperamide plus 1% TP in diet); (D) TPH (loperamide plus 5% TP in diet).

糞便含水量：於試驗第 1、4、7、10 及 14 天收集的糞便以烘箱烘乾水分，可換算糞便含水量 (%)。結果如表 2 所顯示，給藥後負對照組糞便含水量為 (27.0 ± 2.1)%至 (38.3 ± 1.7)%，與正對照組的糞便含水量為 (45.4 ± 2.5)%至 (40.8 ± 1.7)%相比較有顯著性下降，尤其在給藥後第 14 天糞便含水量下降最顯著。銀耳多醣低劑量組在給藥後糞便含水量為 (41.5 ± 2.6)%至 (48.2 ± 3.7)%；高劑量組在給藥後的糞便含水量為 (45.1 ± 3.3)%至 (52.4 ± 5.8)%與負對照組相比顯著性高，與正對照組相比較差異不顯著 ($P > 0.05$)。

菌相分析

第 14 天試驗結束時，大鼠以 CO_2 安樂死後在厭氧箱內解剖取出盲腸 (cecum) 內容物，秤取約 0.5 g，加入含 4.5 mL 無菌厭氧稀釋液之試管中。經稀釋取適當倍數，以表面塗抹法，加入 BIM-25、Rogosa 及 TSC 培養基中，置於厭氧缸中培養後計數落數。腸內菌相分析如表 3 所示，銀耳多醣低及高劑量組產氣莢膜梭菌數為 (5.66 ± 0.76) CFU/g 及 (5.64 ± 0.80) CFU/g，與負對照組 (6.64 ± 0.80) CFU/g 相比較有顯著性抑制效果 ($P < 0.05$)，但對大腸桿菌及有益菌的生長並無影響。

表 3. 大鼠盲腸各菌相菌落數

Table 3. Microflra population (Colony forming units) of cecum in rats

Treatment [z]	Microfloral log (CFU/g)			
	CP [y]	*E. coli*	Lacto.	Bifido.
C	6.36 ± 0.47 ab[x]	6.37 ± 0.78 a	10.08 ± 0.25 a	8.43 ± 0.63 a
NC	6.64 ± 0.80 a	6.88 ± 0.80 a	10.19 ± 0.21 a	8.15 ± 0.53 a
TPL	5.66 ± 0.76 b [w]	6.59 ± 0.79 a	10.00 ± 0.23 a	8.33 ± 0.92 a
TPH	5.64 ± 0.80 b	6.89 ± 0.44 a	9.83 ± 0.43 a	8.77 ± 0.20 a

[z] C, control (saline plus blank diet); NC, negative control (loperamide plus blank diet); TPL, 1% Tremella polysaccharide (loperamide plus 1% TP in diet); TPH, 5% Tremella polysaccharide. (loperamide plus 5% TP in diet)

[y] CP, *Clostridium perfringens*; *E. Coli*, *Escherichia coli*; Lacto, *Lactobacterium* spp.; Bifido, *Bifidobacillus* spp. Log CFU/g = Log [Mean of triplicate CFU × Dilution (10 n) × 10 ÷ Sample (0.5 g) × Volume (4.5 mL)].

[x] Data (log) were expressed as mean ± standard error (n = 8).

[w] Significantly different at 5% level by LSD test compared to negative control group.

討　　論

古籍記載，銀耳性味甘、平，具滋陰潤肺、養胃生津之功效，自古以來被人們視為延年益壽的藥膳珍品。近年來對於銀耳保健功效研究，包括降低血糖與低密度膽固醇含量、抗發炎及提升人體免疫力等等 (Cheung 1996; Ukai *et al.* 1983, 1992)。本試驗大鼠經投予 Loperamide 產生便秘症狀，造成在體重減輕，糞便數量、乾重、含水量顯著性的下降，在給予低或高劑量銀耳多醣後，除了在試驗期間體重沒有顯著性減輕外，在糞便溼重、乾重及含水量方面，相較於負對照組，皆有顯著改善的現象；高劑量組改善便秘的現象早於低劑量組。本試驗也對結腸段內總己糖含量及含黏液杯狀細胞數量進行定量，可以觀察到負對照組的總己糖含量及含有黏液的杯狀細胞數，相對於對照組或銀耳多醣組均有減少的現象，此應與 Loperamide 降低腸黏液合成的能力有關 (Shimotoyodome *et al.* 2000)，但因個體差異大，難以取得更精確數據，待後續再作進一步研究。研究顯示大鼠餵食纖維素 (cellulose) 可以促進糞便的排出，但不會增加結腸的黏液的分泌，而餵食鹿角菜膠 (carrageenan)、硫酸軟骨素 (chondroitin sulfate) 及海藻酸納 (sodium alginate) 除了可以促進糞便的排出，也可以增加結腸的黏液的分泌 (Shimotoyodome *et al.* 2001)，這三項物質與銀耳多醣同屬水溶性多醣，能吸收水份而膨脹。綜合以上結果，無論飼料中添加低或高劑量銀耳多醣，於在 14 天的試驗中均具有緩減 Loperamide 藥物造成便秘症狀的功效。

引用文獻 (Literature cited)

Baets, S. D. and E. J. Vandamme. 2001. Extracellular *Tremella* polysaccharides: structure, properties, and applications. Biotech. Lett. 23:1361–1366.

Cheung, P. C. K. 1996. The hypocholesterolemic effect of two edible mushrooms: *Auricularia auricular* (tree-ear) and *Tremella fuciformis* (white jelly-leaf) in hyercholesterolemic rats. Nutr. Res. 16:1721–7125.

Chen, H. L., H. C. Cheng, Y. J. Liu, S. Y. Liu, and W. T. Wu. 2006. Konjac acts as a natural laxative by increasing stool bulk and improving colonic ecology in healthy adults. Nutrition 22:1112–1119.

Efskind, P. S., T. Bernklev, and M. H.Vatn. 1996. Adouble-blind placebo-controlled trial with loperamide in irritable bowel syndrome. Scand. J. Gastroenterol. 31:463–468.

Kamm, M. A. 2003. Constipation. Medicine 31:52–55.

Kamm, M. A., C. C. Jordan, B. R. Leaker, F. B. Nicholson, C. D. R. Murray, S. Taylor, M. Marshall, A. Gibbs, E. G. Carter, and A. V. Emmanuel. 2007. Pharmacological modulation of gut mucosal and large vessel blood flow. Aliment. Pharmacol. Ther. 25: 693–702.

Liu, S., Y. Ling, and C. E. Tsai. 1994. Biotechnically synthesized oligosaccharides and polydextrose reduce constipation and putrefactive metabolites in the human. J. Chinese Nutr. Soc. 19:221–232. (in Chinese with English abstract)

Schiller, L. R., C. A. Santa, S. G. Morawski, and J. S. Fordtran. 1984. Mechanism of the antidiarrheal effect of loperamide. Gastroenterology 86:1475–1480.

Shimotoyodome, A., S. Meguro, T. Hase, I. Tokimitsu, and T. Sakata. 2000. Decreased colonic mucus in rats with loperamide-induced constipation. Comp. Biochem. Physiol. A Mol. Integr. Physiol. 126: 203–212.

Shimotoyodome, A., S. Meguro, T. Hase, I. Tokimitsu, and T. Sakata. 2001. Sulfated polysaccharides, but not cellulose, increase colonic mucus in rats with Loperamide-induced constipation. Dig. Dis. Sci. 46: 1482–1489.

Staiano, A., D. Simeone, E. D. Giudice, E. Miele, A. Tozzi, and C. Toraldo. 2000. Effect of the dietary fiber glucomannan on chronic constipation in neurologically impaired children. J Pediatr. 136:41–45.

Syed, H. 2007. Constipation in long-term care. J. Am. Med. Dir. Assoc. 8:209–218.

Su, J. C., G. W. Chen, and H. L. Chang. 1997. The evaluation of therapeutic effects of fang feng tong sheng powder and colon biofeedback on chronic constipation. J. Chin. Med. 8:197–205. (in Chinese with English abstract)

Tack, J. and S. Müller-Lissner. 2009. Treatment of chronic constipation: Current pharmacologic approaches and future directions. Clin. Gastroenterol. Hepatol. 7:502–508.

Ukai, S., H. Kiriki, K. Nagai, and T. Kiho. 1992. Synthesis and antitumor activities of conjugates of mitomycin C-polysaccharide from *Tremella fuciformis.* Yakugaku Zasshi 112:663–668.

Ukai, S., T. Kiho, C. Hara, I. Kuruma, and Y. Tanaka. 1983. Polysaccharides in fungi. XIV. Anti-inflammatory effect of the polysaccharides from the fruit bodies of several fungi. J. Pharma. 6:983–990.

Wang, H. H. and R. Q. Lin. 1997. Evaluation of 'Liu Mo Tang' for chronic functional constipation. J. Chin. Med. 8:65–72. (in Chinese with English abstract)

Yang, S. H. 2007. Edible *Tremella* polysaccharide for prevention and/or improvement of intestinal disorder. PUB. APP. NO. 20080293670.

Yang, S. H., K. C. Chen, J. H. Wu, and J. W. Liao. 2008. Evaluation for toxicology and mutagenicity of *Tremella* polysaccharide extracted from *Tremella fuciformis*, Berk. J. Taiwan Agric. Res. 57:243–255. (in Chinese with English abstract)

Yu, J. Y. L., C. K. Cheng, B. J. Chen, M. J. Cheng, H. H. Cheng, W. J. Chang, C. C. Hong, P. J. Lee, S. C. Liang, K. S. Sheu, Y. Y. Sung, C. N. Weng, C. W. Tsai, C. S. Wang, M. H. Wang, L. S. Yen, and C. K. Yu. 2005. A Guideline for the Care and Use of Laboratory Animals. Published by the Chinese Society for the Laboratory Animal Science. 2^{nd} ed. Taipei, Taiwan, ROC. 207 pp. (in Chinese)

Polysaccharides of *Tremella fuciformis* as a Diet for Improvement of Constipation in Rats[1]

Kun-Chao Chen[2], Jhaol-Huei Wu[3], Jiunn-Wang Liao[2,3], and Shu-Hui Yang[4,5]

Abstract

Chen, K. C., J. H. Wu, J. W. Liao, and S. H. Yang. Polysaccharides of *Tremella fuciformis* as a diet for improvement of constipation in rats. J. Taiwan Agric. Res. 59:126–133.

Polysaccharides of *Tremella fuciformis* are known to have high water retention capacity and intestinal physiology, they are of potential for the treatment of constipation in animals. This study was conducted to determine effects of *Tremella* polysaccharides (TP) as a diet for improvement of constipation in rats. Rats were treated with Loperamide by hypodermic injection, twice a day at 2 mg/kg of body weight for each injection, to induce spastic constipation as negative control, and then fed with a diet containing 1% or 5% TP of body weight as experiment groups. Rats treated with saline were used as positive control. During the feeding trial for 14 days, the rats in all of the four groups were examined for the symptoms improvement of constipation and microflora population in the cecum of each rat. Results showed that the rats treated with Loperamide and fed with 1% or 5% TP significantly increased fecal weight, dry stool weight and water content (%) of feces ($P < 0.05$) compared to the negative control. The colony forming units of *Clostridium perfringens* of cecum in experiment groups was significantly decreased compared to negative control. This study indicates that *Tremella* polysaccharides are important dietary components for improvement of Loperamide-induced spastic constipations in rats and their potential for treatment of constipation in human warrants further investigations.

Key words: *Tremella fuciformis*, Polysaccharides, Constipation, Animal model.

---

1. Contribution No.2403 from Taiwan Agricultural Research Institute (TARI), Council of Agriculture. Accepted: July 30. 2010.
2. Asssistant and Associate Professor, Graduate Institute of Veterinary Pathobiology, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan, ROC.
3. Asssistant and Associate Professor, Animal Disease Diagnostic Center, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan, ROC.
4. Assistant Researcher, Department of Management and Utilization, Fengshan Tropical Horticultural Experimental Station, TARI, Fengshan, Kaohsiung, Taiwan, ROC.
5. Corresponding author, e-mail: debbbie@fthes-tari.gov.tw; Fax: (07)7315590.

台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 59(2):134–141 (2010)

殺蟲劑對檬果小黃薊馬 (*Scirtothrips dorsalis* Hood) (Thysanoptera: Thripidae) 之毒效 [1]

邱一中[2,3] 林鳳琪[2] 石憲宗[2] 王清玲[3]

摘　要

邱一中、林鳳琪、石憲宗、王清玲。2010。殺蟲劑對檬果小黃薊馬 (*Scirtothrips dorsalis* Hood) (Thysanoptera: Thripidae) 之毒效。台灣農業研究 59:134–141。

小黃薊馬 (*Scirtothrips dorsalis* Hood) 在檬果 (*Mangifera indica* Linn.) 上發生嚴重，為提供防治用藥之建議，以浸葉餵食法測試 30 種殺蟲劑對小黃薊馬成蟲之毒效，結果以滅大松 40% EC 1000 倍、加保扶 44% SC 800 倍、丁基加保扶 48.34% EC 1000 倍、賜諾殺 2.5% SC 2000 倍、芬殺松 50% EC 1000 倍、滅賜克 50% WP 1000 倍和納乃得 40% SP 800 倍對小黃薊馬的毒效最佳，24 小時的死亡率達 90.6–100%，7 種藥劑的殺蟲效果無顯著差異；其次為納乃得 24% SL 500 倍、馬拉松 50% EC 500 倍和撲芬松 30% EC 800 倍處理的效果，24 小時的死亡率達 72.8–82.1%。其它 20 種供試藥劑之登記稀釋倍數效果均不佳，經處理後 24 小時均仍有半數以上之供試小黃薊馬存活。研究結果顯示滅大松、芬殺松、加保扶、丁基加保扶、納乃得、滅賜克和賜諾殺等 7 種殺蟲劑具有防治檬果上小黃薊馬的潛力。

關鍵詞：薊馬、小黃薊馬、檬果、殺蟲劑、毒效。

檬果 (*Mangifera indica* Linn.) 為台灣內、外銷市場重要的農產品，是我國第二大外銷鮮食水果。往昔資料顯示，已記錄的臺灣產檬果害蟲約有 6 目 23 科 56 屬 80 種及害蟎類 2 種，但其中僅有 8–10 種能夠導致檬果產量和品質受損 (Kuo *et al.* 2003)。近年來尤以小黃薊馬 (*Scirtothrips dorsalis* Hood) 危害最為嚴重，在檬果抽芽期大量發生吸食危害新芽，造成新芽變形皺縮或枯萎，影響檬果樹勢生長及後期之花穗形成；而小黃薊馬危害花穗會影響結果數量，幼嫩小果受薊馬銼食表皮受傷，成長後果實表皮褐化粗糙而失去商品價值，因此，徹底防治小黃薊馬為目前檬果生產過程中亟待解決的問題之一。

小黃薊馬原分佈於亞洲，但陸續於非洲 (南非)、美洲 (美國、墨西哥) 及大洋洲 (澳洲、紐西蘭、巴布亞新幾內亞、所羅門群島) 等地發生並危害作物 (CABI 2005; Nietschke *et al.*

1. 行政院農業委員會農業試驗所研究報告第 2399 號。接受日期：99 年 5 月 31 日。
2. 本所應用動物組聘用助理研究員、副研究員、助理研究員及研究員兼組長。台灣 台中縣 霧峰鄉。
3. 通訊作者，電子郵件：ycchiu@tari.gov.tw；傳真機：(04)23317600。

2008)。本種薊馬為雜食性，寄主植物至少分屬40科、多達112種以上，包括辣椒、蔥、大豆、玉米、棉花、瓜類、花生、紅豆、檬果、葡萄、柑橘、奇異果、香蕉、草莓、蕃茄、馬鈴薯、茶、煙草、玫瑰、菊花、蓮花等重要經濟作物 (Mound & Palmer 1981; Umeya *et al.* 1988; Wang 2002; Seal *et al.* 2006)。

目前應用於農作物上防治小黃薊馬的方法，如利用銀色覆土資材、濾除紫外線塑膠膜、黃色及藍色黏板誘捕等，均有文獻報導可以降低小黃薊馬的數量 (Wang 2002)。此外，亦有利用生物天敵如捕食性蟎類 *Amblyseius swirskii* (Athias-Henriot) 和 *Neoseiulus cucumeris* (Oudemans) 在辣椒園中可有效防治小黃薊馬 (Arthurs *et al.* 2009)。但是物理及生物防治用於檬果上防治小黃薊馬效果有限，目前仍以施用化學藥劑為主。台灣有關檬果小黃薊馬的防治用藥，只有 1987 年登記於農委會發行之植物保護手冊的 48.34%丁基加保扶 (carbosulfan) 乳劑，及 2009 年登記的 4.95%芬普尼 (fipronil) 水懸劑和 10%克凡派 (chlorfenapyr) 水懸劑等 3 種殺蟲劑。但植物保護手冊上登記用於防治檬果其他害蟲，包括檬果螟蛾 (*Chlumetia transversa* Walker)、檬果赤圓介殼蟲 [*Aonidiella aurantii* (Maskell)]、檬果葉蟬 [*Idioscopus niveosparsus* (Lethierry) 和 *I. clypealis* (Lethierry)]、檬果木蝨 [*Microceropsylla nigra* (Crawford)] 及東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis* Handel)，則計有 36 種 (Kuo *et al.* 2003; Anonymous 2007)，遠多於登記在檬果薊馬上的防治藥劑。雖然此等藥劑可施用於檬果上同時防治小黃薊馬，且其他作物防治薊馬有效的藥劑，如賜諾殺、滅賜克、馬拉松等亦可供參考登記應用 (Anonymous 2007)，但此類藥劑於田間經長期使用，其對檬果上小黃薊馬之毒效仍須釐清。本研究乃針對市售殺蟲劑成品測定其殺蟲效果，以瞭解目前玉井鄉檬果上小黃薊馬對常用殺蟲劑登記之稀釋倍數的感受性，研究結果可供整合檬果害蟲管理技術之參考應用。

本試驗選擇30種市售成品殺蟲劑對檬果小黃薊馬進行毒效測試，各供試殺蟲劑以逆滲透純水，依登記植物保護手冊中所列防治檬果害蟲之藥劑稀釋倍數進行稀釋，做為測定小黃薊馬毒性之處理藥液，並以逆滲透純水為對照。測試藥劑之名稱、有效成分含量、劑型、出品廠商名稱及稀釋倍數如下：

有機磷 (organophosphate) 殺蟲劑：滅大松 (methidathion) 40% EC，台灣先正達股份有限公司，1000 倍。芬殺松 (fenthion) 50% EC，生力化學工業股份有限公司，1000 倍。撲滅松 (fenitrothion) 50% EC，立農化學股份有限公司，1000 倍。馬拉松 (malathion) 50% EC，洽益化學股份有限公司，500 倍。

有機磷與除蟲菊混合 (pyrethroid + organophosphate) 殺蟲劑：撲芬松 (fenvalerate mixed with fenitrothion) 30% EC，利台化學工業股份有限公司，800 倍。益洛寧 (Phosmet mixed with λ-cyhalothrin) 42% WP，大勝化學工業股份有限公司，2000 倍。

氨基甲酸鹽 (carbamate) 殺蟲劑：加保扶 (carbofuran) 44% SC，國際技術社股份有限公司，800 倍。丁基加保扶 (carbosulfan) 48.34% EC，國際技術社股份有限公司，1000 倍。納乃得 (methomyl) 40% SP，台灣杜邦股份有限公司，800 倍。納乃得 (methomyl) 24% SL，台灣杜邦股份有限公司，500 倍。加保利 (carbaryl) 85% WP，生力化學工業股份有限公司，1700 倍。滅賜克 (methiocarb) 50% WP，興農股份有限公司，1000 倍。

新類尼古丁 (neonicotinoid) 殺蟲劑：達特南 (dinotefuran) 20% SG，惠光化學股份有限公司，3000 倍。益達胺 (imidacloprid) 9.6% SL，正歆有限公司，3000 倍。可尼丁 (clothianidin) 16% SG，立農化學股份有限公司，4000 倍。

賽速安 (thiamethoxam) 25% SP，台灣先正達股份有限公司，7500 倍。亞滅培 (acetamiprid) 20% SP，台灣住友商事股份有限公司，4000 倍。

合成除蟲菊 (pyrethroid) 殺蟲劑：亞滅寧 (α-cypermethrin) 3% EW，台益工業股份有限公司，1000 倍。亞滅寧 (α-cypermethrin) 3% EC，興農股份有限公司，1000 倍。賽洛寧 (λ-cyhalothrin) 2.46% CS，台灣先正達股份有限公司，4000 倍。賽洛寧 (λ-cyhalothrin) 2.8% EC，鴻鋒化學股份有限公司，4000 倍。畢芬寧 (bifenthrin) 2.8% EC，正豐生化科技股份有限公司，2000 倍。畢芬寧 (bifenthrin) 2.5% SC，大勝化學工業股份有限公司，2000 倍。貝他賽扶寧 (β-cyfluthrin) 2.9% EC，拜耳作物科學股份有限公司，1500 倍。

昆蟲生長調節型 (insect growth regulator, IGR) 殺蟲劑：布芬淨 (buprofezin) 25% WP，安農股份有限公司，750 倍。

合成除蟲菊與昆蟲生長調節型混合 (IGR + pyrethroid) 殺蟲劑：布芬第滅寧 (buprofezin mixed with deltamethrin) 11.78% EC，正豐生化科技股份有限公司，1500 倍。

昆蟲取食抑制型 (feeding blocker) 殺蟲劑：派滅淨 (pymetrozine) 25% WP，鴻鋒化學股份有限公司，1500 倍。

吡咯類 (pyrroles) 殺蟲劑：克凡派 (chlorfenapyr) 10% SC，鴻鋒化學股份有限公司)，1000 倍。

苯吡唑類 (phenylpyrazole) 殺蟲劑：芬普尼 (fipronil) 4.95% SC，拜耳作物科學股份有限公司)，2500 倍。

抗生性 (antiobiotic) 殺蟲劑：賜諾殺 (spinosad) 2.5% SC，台灣道禮股份有限公司，2000 倍。

自 2009 年 3–10 月，每月至台南縣玉井鄉採集帶有檬果小黃薊馬之嫩葉，裝入利用昆蟲針打洞可透氣的夾鏈袋中，攜回實驗室，置於生長箱 (28℃, 70% RH, 12D:12L) 內飼育。本研究為直接測定田間採集之小黃薊馬成蟲對藥劑的感受性，因無法控制試驗蟲源之日齡的均質性，為降低試驗結果之變異性，以採集後隔日挑取存活且活動性強之成蟲進行試驗。共計採集 7 次小黃薊馬蟲源供作藥劑毒效測定之材料。

以浸葉餵食法測試各殺蟲劑對小黃薊馬的毒效，試驗方法如下：利用不鏽鋼製圓筒狀切割器切取直徑 3 cm 之圓形檬果新葉，浸入各供試殺蟲劑之稀釋液及對照純水中處理 5 秒，取出檬果葉晾乾後放入圓柱形玻璃管 (3.5 cm 高 × 3.0 cm 直徑) 中，以毛筆將供試小黃薊馬成蟲移入管內，每一玻璃管接入薊馬 10–30 隻。接入薊馬後之玻璃管管口以石臘膜封住，置於盤中後再放置生長箱 (28℃, 70% RH, 12D:12L) 內，分別經 6、24 及 48 小時後觀察記錄薊馬死亡情形。相同試驗方法共進行 2–4 次重複，每次採集所完成的藥劑測定為 1 次重複，每次重複每種藥劑進行 3 組試驗。滅賜克、馬拉松及賜諾殺非檬果登記藥劑，試驗後期才篩選測定，故僅進行 2 次重複；滅大松、丁基加保扶和芬殺松藥劑進行 3 次重複；其餘 24 種殺蟲劑均進行 4 次重複。每種殺蟲劑所處理的薊馬數量詳如表 1 所示，純水對照組共處理 341 隻小黃薊馬。

分別計算各供試藥劑處理 6、24、48 小時後之死亡率，並依 Abbott (1925) 提出的公式校正其死亡率。校正後的小黃薊馬死亡率以 SPSS 16.0 統計軟體 (SPSS inc., Chicago, Illinois 2007) 進行變方分析，並以最小顯著差異法 (Fisher's least significant difference, LSD) 比較經不同處理時間之各殺蟲劑處理對小黃薊馬死亡率之差異顯著性。

供試的 30 種殺蟲劑中，僅滅大松、加保扶、丁基加保扶、賜諾殺、芬殺松、滅賜克、

表 1. 台南玉井地區小黃薊馬成蟲經不同藥劑處理於 6、24、48 小時後之死亡率

Table 1. Mortality of adults of *Scirtothrips dorsalis* after feeding on insecticide-treated leaves of mango for 6, 24 and 48 hours

Insecticide	Conc. (X) [y]	No. of thrips treated	Mortality (%) of thrips adult after treatment 6 h	24 h	48 h
Methidathion 40% EC	1000	161	92.5 ± 0.6 a [x]	100.0 ± 0.0 a	100.0 ± 0.0 a
Carbofuran 44% SC	800	110	94.1 ± 3.8 a	100.0 ± 0.0 a	100.0 ± 0.0 a
Carbosulfan 48.34% EC	1000	100	85.6 ± 1.7 ab	100.0 ± 0.0 a	100.0 ± 0.0 a
Spinosad 2.5% SC [z]	2000	107	86.3 ± 11.8 ab	97.4 ± 2.6 ab	100.0 ± 0.0 a
Fenthion 50% EC	1000	144	90.6 ± 3.7 a	96.4 ± 2.3 ab	99.3 ± 0.7 a
Methiocarb 50% WP [z]	1000	95	90.9 ± 7.2 a	96.3 ± 3.7 ab	100.0 ± 0.0 a
Methomyl 40% SP	800	102	76.8 ± 7.7 ab	90.6 ± 6.3 abc	96.7 ± 3.3 a
Methomyl 24% SL	500	107	77.5 ± 11.8 ab	82.1 ± 9.7 bcd	92.0 ± 5.9 ab
Malathion 50% EC [z]	500	114	57.9 ± 16.7 bc	76.2 ± 6.6 cd	90.7 ± 7.3 ab
Fenvalerate + Fenitrothion 30% EC	800	56	31.6 ± 25.5 c	72.8 ± 0.6 d	83.2 ± 4.0 b
Clothianidin 16% SG	4000	108	31.1 ± 6.7	48.6 ± 13.4	73.4 ± 10.3
Imidacloprid 9.6% SL	3000	116	14.6 ± 4.6	36.4 ± 9.1	76.7 ± 2.2
Dinotefuran 20% SG	3000	124	22.1 ± 12.2	32.4 ± 12.3	64.4 ± 10.7
Phosmet + Lambda-cyhalothrin 42% WP	2000	108	11.9 ± 7.8	32.8 ± 12.3	70.7 ± 7.4
Thiamethoxam 25% SP	7500	83	13.4 ± 4.9	32.0 ± 11.7	73.1 ± 13.6
Acetamiprid 20% SP	4000	114	6.1 ± 2.1	29.5 ± 6.4	63.2 ± 3.7
Buprofezin 25% WP	750	105	6.0 ± 3.4	28.8 ± 7.1	49.0 ± 3.9
Fenitrothion 50% EC	1000	137	11.8 ± 11.7	28.6 ± 20.4	73.4 ± 9.8
Bifenthrin 2.5% SC	2000	94	5.7 ± 3.9	28.5 ± 15.5	88.8 ± 4.0
Buprofezin + Deltamethrin 11.78% EC	1500	108	12.5 ± 8.5	28.5 ± 11.1	53.0 ± 12.4
Carbaryl 85% WP	1700	86	9.1 ± 7.3	26.2 ± 16.4	33.6 ± 7.7
Chlorfenapyr 10% SC	1000	113	14.1 ± 6.7	24.7 ± 9.4	58.1 ± 13.5
λ-cyhalothrin 2.8% EC	4000	144	13.4 ± 6.7	22.5 ± 5.0	43.7 ± 8.9
λ-cyhalothrin 2.46% CS	4000	129	13.0 ± 4.3	22.4 ± 1.5	56.3 ± 8.0
Fipronil 4.95% SC	2500	128	13.5 ± 10.9	21.8 ± 10.6	68.5 ± 2.7
α-cypermethrin 3% EW	1000	118	7.9 ± 7.5	21.1 ± 11.2	59.1 ± 10.2
α-cypermethrin 3% EC	1000	98	14.5 ± 4.3	20.5 ± 7.1	49.0 ± 18.3
Pymetrozine 25% WP	1500	93	5.7 ± 1.9	18.4 ± 6.7	75.3 ± 13.2
Bifenthrin 2.8% EC	2000	138	10.5 ± 6.6	15.9 ± 8.0	54.8 ± 7.2
β-cyfluthrin 2.9% EC	1500	80	3.0 ± 2.2	13.9 ± 6.5	26.3 ± 9.8

[z] Not registered for use in the control of mango pests.
[y] Recommended application rate for each insecticide listed in the Plant Protection Manual.
[x] Data on mortality were corrected by Abbott's formula and showed by mean ± sem; means within each column followed by the same letter are not significantly different by Fisher's LSD test at 5% level.

40%納乃得、24%納乃得、馬拉松和撲芬松等 10 種殺蟲劑的登記稀釋倍數，處理小黃薊馬經 24 小時之殺蟲效果達 70%以上 (表 1)，其餘殺蟲劑的登記稀釋倍數對檬果小黃薊馬的致死率均未達 50%，殺蟲效果不佳，故僅就此 10 種殺蟲劑統計分析的結果，比較其對檬果小黃薊馬之殺蟲效果。

小黃薊馬經殺蟲劑處理 6 小時後加保扶、滅大松、滅賜克和芬殺松的處理，死亡率達 90.6–94.1%，賜諾殺、丁基加保扶、40%納乃得和 24%納乃得的處理，死亡率為 76.8–86.3%，這 8 種殺蟲劑處理小黃薊馬的藥效較佳，且彼此間藥效無顯著性差異；馬拉松處理小黃薊馬的藥效次之，死亡率僅 57.9%；撲芬松及其它 20 種供試殺蟲劑處理小黃薊馬後的效果均不佳，死亡率為 3.0–31.6%，與藥效較佳的 8 種藥劑之間有顯著的差異。

小黃薊馬經殺蟲劑處理 24 小時後滅大松、加保扶、丁基加保扶、賜諾殺、芬殺松、滅賜克和 40%納乃得的處理效果最佳，死亡率達 90.6–100%，其中滅大松、加保扶和丁基加保扶等 3 種殺蟲劑，更完全殺滅供試的小黃薊馬，這 7 種殺蟲劑處理小黃薊馬的藥效並無顯著性差異。24%納乃得、馬拉松和撲芬松等殺蟲劑的處理藥效較差，死亡率為 72.8–82.1%，且這 3 種殺蟲劑對小黃薊馬的藥效差異並不顯著。其它 20 種供試殺蟲劑處理小黃薊馬後之藥效差，死亡率僅為 13.9–48.6%。

小黃薊馬經殺蟲劑處理 48 小時後之死亡率普遍升高，滅大松、加保扶、丁基加保扶、賜諾殺、滅賜克、芬殺松、40%納乃得、24%納乃得和馬拉松的處理，死亡率達 90.7–100%，其中滅大松、加保扶、丁基加保扶、賜諾殺和滅賜克等 5 種殺蟲劑完全殺滅供試的小黃薊馬；其次為撲芬松的處理，死亡率為 83.2%。各殺蟲劑之間已看不出明顯差別，經統計分析後，這 10 種殺蟲劑僅撲芬松藥效較差外，其餘 9 種藥劑效果差異不顯著。

小黃薊馬近幾年陸續在蓮花、釋迦、番石榴、蜜棗、檬果等作物上造成危害，蟲口密度在嫩葉、開花及結果期居高不下，已成為重要的作物害蟲。Brødsgaard (1994) 歸納出西方花薊馬 [*Frankliniella occidentalis* (Pergande)] 猖獗危害的可能原因有三點：(1) 薊馬產卵於植物組織中，且化蛹在隱蔽處或土中，活動期棲息於葉背、花芽中，因此不易接觸到殺蟲劑；(2) 具危害性薊馬多為雜食性；(3) 過於頻繁使用殺蟲劑，造成天敵減少及薊馬產生抗藥性。此推論亦可做為台灣近幾年小黃薊馬猖獗的參考。此外，本研究顯示小黃薊馬對藥劑的感受性與 Wang (1999) 的數據比較明顯降低，顯示抗性提高，施藥後效果不彰，應該是台灣近年小黃薊馬猖獗的主要原因。

登記在植物保護手冊檬果害蟲防治的藥劑共有 39 種，其中 36 種是登記防治檬果葉蟬類及其他檬果害蟲，登記防治檬果小黃薊馬僅丁基加保扶、芬普尼和克凡派等 3 種，本研究結果對檬果上小黃薊馬毒效較佳的加保扶、芬殺松、40%納乃得、24%納乃得和撲芬松等殺蟲劑，為分別登記在檬果葉蟬、檬果螟蛾、檬果木蝨及東方果實蠅上使用的殺蟲劑，可提供做為殺蟲劑擴大使用範圍的參考。而滅大松為登記在檬果赤圓介殼蟲上使用的殺蟲劑，試驗結果對小黃薊馬的毒效極佳，但因滅大松 40% EC 為劇毒性農藥，政府將於 2010 年 12 月 31 日禁用。另外，賜諾殺、滅賜克和馬拉松雖非檬果上登記使用的殺蟲劑，但為登記在其他作物上薊馬的防治藥劑，試驗結果對檬果上小黃薊馬的毒效亦佳，可作為登記於檬果用藥的參考。本研究藥效較佳的 10 種殺蟲劑中，除賜諾殺為細菌產生之抗生物質 (antiobiotic) 外，均為有機磷和氨基甲酸鹽類，在殺蟲劑輪用原則下，有效殺蟲劑的選擇性少，這也是目前小黃薊馬防治困難的原因之一。

由小黃薊馬對供試殺蟲劑登記使用之稀釋倍數的死亡率比較，滅大松、加保扶、丁基加保扶、賜諾殺、芬殺松、滅賜克和 40%納乃得的毒效較佳，其中，滅大松及芬殺松為乳劑劑型之有機磷類，因該類劑型有落花及果實黑化的疑慮，農民於開花至小果期時有使用上的顧慮。加保扶為劇毒性殺蟲劑，施用時常有導致中毒的情形，農民使用意願較低。丁基加保扶為 1987 年登記在檬果薊馬上使用的藥劑，在與台南和屏東檬果栽培農民的訪查中，該藥劑已久未在檬果田間使用，本研究結果顯示對小黃薊馬的感受性尚佳，且對人屬中毒性。滅賜克和賜諾殺為薊馬常用的防治藥劑，但滅賜克已證實會使西方花薊馬產生抗藥性 (Brødsgaard 1994; Jensen 2000)，且抗性比高達 30 倍。在台灣也證實小菜蛾 [*Plutella xylostella* (Linn.)] 對賜諾殺產生抗藥性，採自高雄縣路竹鄉的族群抗性比達 58.7 倍，彰化縣溪湖鄉的族群抗性比更高達 65.3 倍 (Kao & Cheng 2001)。雖然滅賜克和賜諾殺尚未登記在檬果上使用，但小黃薊馬是否如同西方花薊馬及小菜蛾分別對滅賜克和賜諾殺產生抗藥性一樣，值得進一步注意監測。

本試驗供試的益達胺、亞滅培、賽洛寧、馬拉松和芬普尼等殺蟲劑，均為植物保護手冊登記防治各類作物薊馬的藥劑，Wang *et al.* (1999) 以這些藥劑測試對蓮花上小黃薊馬的毒效，以益達胺 9.6% SL 1500 倍、亞滅培 20% SP 4000 倍、芬普尼 4.95% SC 2000 倍、馬拉松 50% EC 1500 倍、賽洛寧 2.8% EC 2000 倍的處理，16 小時後，小黃薊馬成蟲的死亡率達 89.4–100%，其中益達胺、亞滅培和芬普尼均完全殺滅供試的小黃薊馬，毒殺效果極佳。但相對於本試驗的結果，處理 24 小時後小黃薊馬的死亡率，益達胺 9.6% SL 3000 倍僅 36.4%，亞滅培 20% SP 4000 倍僅 29.5%，芬普尼 4.95% SC 2500 倍僅 21.8%，賽洛寧 2.8% EC 4000 倍僅 22.5%，藥劑毒效遠低於 1999 年的試驗結果，僅馬拉松 50% EC 500 倍仍讓小黃薊馬有 76.2%死亡率，顯示檬果上小黃薊馬對上述藥劑的感受性已降低，可能有產生抗藥性的問題，值得再進一步探討。

在供試的殺蟲劑中，以滅大松、芬殺松等有機磷類，加保扶、丁基加保扶、滅賜克等氨基甲酸鹽類，及賜諾殺均具有速效性，在處理 6 小時後小黃薊馬成蟲即有 85.6%以上的死亡率，且在 24 小時後即具有 96.3%以上的致死率，滅大松、加保扶和丁基加保扶甚至達 100%殺蟲效果，在檬果薊馬密度高，或密度快速升高時，可利用此類藥劑快速降低田間薊馬密度。賜諾殺為輕毒性殺蟲劑，丁基加保扶、芬殺松和滅賜克為中毒性殺蟲劑，但滅大松和加保扶為劇毒性殺蟲劑，使用時須謹慎。而納乃得、馬拉松和撲芬松則需在處理 24 小時後，小黃薊馬才有 72.8%以上的死亡率，可選用在檬果小黃薊馬密度尚低，但有攀升趨勢時使用，此類為輕毒到中毒性殺蟲劑，可作為例行性的管理藥劑。其他供試的殺蟲劑在處理 24 小時後，對檬果小黃薊馬的毒效均不佳，死亡率均在 48.6%以下，雖然畢芬寧、益達胺、派滅淨、可尼丁、撲滅松、賽速安及益洛寧等藥劑在處理 48 小時後，小黃薊馬的死亡率可達 70.7–88.8%，但因處理後有超過半數供試薊馬存活 1 天以上，仍可能順利產卵於檬果嫩葉組織內，延續下一代的危害密度，因此選做管理檬果小黃薊馬時的藥劑需謹慎參酌，應以 24 小時的藥效結果為參考依據。

雖然實驗室內殺蟲劑對小黃薊馬的毒效測試，變因單純可控制，所得的小黃薊馬死亡率，不能全然等於對田間小黃薊馬的防治率，但在此建立的殺蟲劑對檬果小黃薊馬的毒效資料，可提供農民對檬果小黃薊馬的用藥參考，也可作為將來研究比對的參考。

誌　　謝

本研究承本組同仁錢景泰博士在統計分析上的協助，曹嚴芳和江方儀小姐協助薊馬的飼養及相關試驗工作，在此一併致謝。

引用文獻 (Literature cited)

Abbott, W. S. 1925. A method of computing the effecttiveness of an insecticide. J. Econ. Entomol. 18: 265–267.

Anonymous. 2007. Mango. p.56–79. *in*: Plant Protection Manual (Fruits). (Fei, W. C. and Y. C. Wang, eds.) TACTRI/COA Press. Taichung, Taiwan. (in Chinese)

Arthurs, S., C. L. McKenzie, J. Chen, M. Dogramaci, M. Brennan, K. Houben, and L. Osborne. 2009. Evaluation of *Neoseiulus cucumeris* and *Amblyseius swirskii* (Acari: Phytoseiidae) as biological control agents of chilli thrips, *Scirtothrips dorsalis* (Thysanoptera: Thripidae) on pepper. Biol. Control 49:91–96.

Brødsgaard, H. F. 1994. Insecticide resistance in European and African strains of western flower thrips (Thysanoptera: Thripidae) tested in a new residue-on-glass test. J. Econ. Entomol. 87:1141–1146.

CABI. 2005. Crop Protection Compendium. CAB International, Wallingford, UK.

Kao, C. H. and E. Y. Cheng. 2001. Insecticide resistance in *Plutella xylostella* L. XI. Resistance to newly introduced insecticides in Taiwan (1990–2001). J. Agric. Res. China 50:80–89.

Kuo, K. C., H. C. Chou, and C. F. Shih. 2003. Mango Protection-Illustrated Handbook Series of Plant Protection No. 10. BAPHIQ/COA Press. Taipei, Taiwan. 195 pp. (in Chinese)

Mound, L. A. and J. M. Palmer. 1981. Identification, distribution and host plants of the pest species of *Scirtothrips* (Thysanoptera: Thripidae). Bull. Entomol. Res. 71:467–479.

Nietschke, B. S., D. M. Borchert, R. D. Magarey, and M. A. Ciomperlik. 2008. Climatological potential for *Scirtothrips dorsalis* (Thysanoptera: Thripidae) establishment in the United States. Florida Entomol. 91:79–86.

Seal, D. R., M. Ciomperlik, M. L. Richards, and W. Klassen. 2006. Comparative effectiveness of chemical insecticides against the chilli thrips, *Scirtothrips dorsalis* Hood (Thysanoptera: Thripidae), on pepper and their compatibility with natural enemies. Crop Prot. 25:949–955.

Wang, C. L., M. Y. Hsu, C. H. Young, and Y. L. Jian. 1999. Toxicity of insecticides for *Scirtothrips dorsalis* Hood (Thysanoptera: Thripidae) on lotus. Chinese J. Entomol. 19:377–380. (in Chinese with English abstract)

Wang, C. L. 2002. Thrips of Taiwan: Biology and Taxonomy. Taiwan Agric. Res. Inst., Spec. Publ. No. 99. TARI/COA Press. Taichung, Taiwan. 328 pp. (in Chinese)

Umeya, K., I. Kudo, and M. Miyazaki. 1988. Pest Thrips in Japan. Zenkoku Noson Kyoiku Kyokai Pub. Co. Japan. 422 pp.

Toxicity of Insecticides to *Scirtothrips dorsalis* Hood (Thysanoptera: Thripidae) on Mango [1]

Yi-Chung Chiu[2,3], Feng-Chyi Lin[2], Hsien-Tzung Shih[2], and Chin-Ling Wang[2]

Abstract

Chiu, Y. C., F. C. Lin, H. T. Shih, and C. L. Wang. 2010. Toxicity of insecticides to *Scirtothrips dorsalis* Hood (Thysanoptera: Thripidae) on mango. J. Taiwan Agric. Res. 59:77–85.

Scirtothrips dorsalis Hood is a serious pest of mango (*Mangifera indica* Linn.) in Taiwan. This study was conducted to determine efficacy of 30 insecticides for control of adult *S. dorsalis* by the feeding trials on insecticide-treated leaves of mango. Results showed that, after feeding for 24 hours, the mortality of thrips was the highest (90.6 to 100%) for the treatments of methidathion 40% EC, carbofuran 44% SC, carbosulfan 48.34% EC, spinosad 2.5% SC, fenthion 50% EC, methiocarb 50% WP, and methomyl 40% SP. The mortality of thrips was moderate (72.8 to 82.1%) for the treatments of methomyl 24% SL, malathion 50% EC, and fenvalerate mixed with fenitrothion 30% EC, whereas the mortality was low (< 50%) for the rest of the 20 insecticides tested. This study suggests that the seven insecticides (methidathion, carbofuran, carbosulfan, spinosad, fenthion, methiocarb, and methomyl) may be of potential for control of *S. dorsalis* in commercial fields of mango in Taiwan.

Key words: Thrips, *Scirtothrips dorsalis*, Mango, *Mangifera indica*, Insecticides, Toxicity.

---

1. Contribution No.2399 from Taiwan Agricultural Research Institute (TARI), Council of Agriculture. Accepted: May 31, 2010.
2. Respectively, Assistant Entomologist, Associate Entomologist, Assistant Entomologist, and Senior Entomologist, Applied Zoology Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
3. Corresponding author, e-mail: ycchiu@tari.gov.tw; Fax: (04)23317600.

「台灣農業研究」稿約

一、 本刊為行政院農業委員會農業試驗所發行之學術性季刊，刊登農業試驗研究相關之研究稿件：

論　　說：由本所邀請專家撰寫。

研究報告：關於農業科學未曾發表之研究報告，按題目、作者、摘要、前言、材料與方法、結果、討論、結論 (一般略去)、誌謝 (可略去)、引用文獻等依序撰寫，圖與表附於其後，全文以不超過 10 印刷頁為原則。

研究簡報：關於農業科學未曾發表之簡短原始研究報告，不須分章節撰寫，但須附中英文摘要，全文以不超過 4 印刷頁為原則。

二、稿件應以中文或英文撰寫。來稿請送原稿及電子檔案各一份 (內各附照片原圖，繪製圖版可附原圖與影印圖片二份)。文稿以 A4 大小之白色紙張 (長 29.6 公分，寬 21 公分) 兩倍行高 (double space) 打字，12 號字體，左邊對齊，版面應上下預留 3 公分，左右 2 公分之空間，並自第二頁起在右下角以阿拉伯數字註明頁數。撰寫時，中文以細明體、英文以 Times New Roman 字體打字；英文字距一格，句距二格。審查接受之稿件，隨文請附紙本文稿一份與電子檔案，以利送審及電腦排版等作業。

三、稿件格式：

題　　目：宜簡短，能充分反應文旨，並附簡題 (Running title) (中文 12 字；英文 6 字以內為原則)。英文題目除介系詞、連接詞等字外，每字第一字母應大寫。題目附小註，說明研究報告編號。

作　　者：作者姓名置中，中文名字間空一格；英文姓名則名在前姓氏在後，作者二人或二人以上時，以 “，” 相隔，最後一人前加 “and” 字樣，其表示方法如 Chen-Seng Huang, Chen-Chang Chen, and Chyr-Guan Chen。每一作者須附小註，以說明所屬機關單位，通訊作者須附電子郵件信箱與傳真機號碼。題目與作者同置第一頁。

摘　　要：不分段落、宜簡潔明確。摘要之前應加作者、年代、題目、期刊、及卷期，摘要之後應附關鍵詞 (Key words)，關鍵詞不超過 5 個，每個英文關鍵詞第一字母應大寫。摘要以不超過 500 字為原則。以中 (英) 文發表者須附英 (中) 文摘要，置於本文之後，且內容須與中 (英) 文摘要相符，並附稿件編號、作者、通訊作者之小註。

本　　文：依序為前言 (INTRODUCTION)、材料與方法 (MATERIALS AND METHODS)、結果 (RESULTS)、討論 (DISCUSSION)、結論 (CONCLUSION)、誌謝 (ACKNOWLEDGEMENTS)、引用文獻 (LITERATURE CITED)。除學名、專有名詞、化學式、數學公式、數字、度量衡單位及縮寫外，文句中不得中外文並用，需使用英 (外) 文以助明瞭時，須將英 (外) 文括號置於中文之後。材料與方法、結果兩部份如有必要須分章節，每一章節內並可再分小章節，以助明瞭文稿內容。章節題目 (heading) 單行置於該章節之前，小章節題目 (subheading) 直接置於小章節之首。

表　　格：

1、每一表格應分別繕製，須以 WORD®中 “表格” 工具製作，上方須有標題，並按文中出現順序加上表 **1. (Table 1.)**，表 **2. (Table 2.)** 等冠號。

2、中文稿之表格標題應中英文並列，冠號與表幅齊頭，表內項目及內容以英文書寫。英文標題及各欄英文細目，除第一字之第一字母大寫外，餘均小寫。

3、表格應加分析、簡化與歸納後始可列表。每一表格應在文中標示清楚，以便對照。

4、表中內容如需說明，均須附加小註，以 z, y, x,…等縮小小寫字母置於右上角，並於表下依次敘述。表格僅列橫線。

5、性質類同之圖與表，務請精簡與合併。

圖　　片：

1、手繪圖版以黑色墨水分別繪圖紙或描繪紙（白色透明紙）上。如以電腦繪圖，請以鐳射印表機或同規格之印表機列印，力求清晰。

2、圖中所有標示應以英文書寫（Arial 字型）或註明於標題之後。

3、照片以光面紙為原則，清晰度以縮小 50%可判讀為宜。多幅照片儘量製成併版；如有特別指明，應加圈或箭頭表明。顯微照相，應加比例尺大小；照片大小以不超過版面（25 cm × 18 cm）為宜。

4、圖版及照片下方應有標題，並按文中出現的順序加上圖 **1. (Fig. 1.)**、圖 **2. (Fig. 2.)** 等冠號，在文中須標示清楚，以便對照。中文稿標題應中英文併列，力求明確。

5、除併圖外，每一圖片應單頁製作。

6、照片、圖片背面應註上冠號及作者姓名，以免排印錯誤。

誌　　謝：不分段落，包括人物、經費來源等。誌謝可略去。

引用文獻：

1、列舉確實曾引用之文獻。文獻以登載於學術性期刊、書籍、研討會之文章及學位論文為限。文中涉及引用文獻時，根據該文獻的作者與年代加以括號：如（Sung 1991）、(Lo 1991, 1992)、(Chen & Ho 1983)、(Sung 1991; Hsu *et al.* 1992)，以年代先後為序置於引用文處。

2、文獻須以英文撰寫，以姓名字母為序。作者相同時以年代先後為序。

3、文獻之書寫方法以期刊為例，依序為作者、年代、題目、期刊、卷期、頁數。

4、期刊名須依該期刊公告之縮寫撰寫；如無者，請參照 Biosciences Information Service (1992) 出版之 "Serial Sources for the BIOSIS Previews Database"或依該學術領域之慣例撰寫。

5、文獻書寫範例如下：

(1) 原中文報告引用文獻出自學術性期刊

Hsu, S. H., T. Y. Chung, T. C. Kuo, and S. F. Wang. 1992. Studies on the micro-climate of greenhouse. I. Light environment of greenhouse. J. Agric. China 157:34–43. (in Chinese with English abstract)

(2) 原中文報告引用文獻出自著作性書籍

Sung, J. M. 1991. Nitrogen metabolism of rice. Chinese Agronomy Press. Taipei. 100 pp. (in Chinese)

(3) 原中文報告引用文獻出自編輯性書籍

Yang, C. M. and C. Y. Lin. 2003. Studies on rice precision farming system. p.1–12. *in*: Rice Precision Farming System. (Yang, C. M. and C. Y. Lin, eds.) Agric. Res. Inst. Pub. No. 105. Taichung. 252 pp. (in Chinese with English abstract)

(4) 原中文報告引用文獻出自研討會專刊

Chang C. A. 2001. Application and extension of virus-free seedling for the control of virus diseases of passionfruit in Taiwan. p.31–38. *in* the Proceeding of Symposium on Application of Healthy Plant for Control of Plant Diseases. Taiwan Phytopathol. Soc. Pub. Taichung. (in Chinese with English abstract)

四、單位、縮寫格式、括號及統計分析

1、凡文中出現之數值，除非另有特別之意義，一律用阿拉伯數字書寫。單位如以英文表示，則用國際公認標準符號（SI units）代替全文，各常用之縮寫單位參照說明如下：

(1)長度：公里（km）、公尺（m）、公分（=厘米）(cm)、公釐（=毫米）(mm)、微米（μm）。

(2)重量 (W)：公斤 (kg)、公克 (g)、毫克 (mg)、μg。
(3)容積 (V)：公升 (L)、公撮 (=毫升) (mL)、μL。
(4)面積：公頃 (ha)、平方公尺 (m^2)、平方公分 (cm^2)。
(5)溫度：攝氏 (℃)、絕對溫度 (K，但須加以說明)。
(6)時間：日 (天) (d)、時 (h)、分 (min)、秒 (s)。
(7)濃度：莫耳 (M)、千分之一莫耳 (mM)、當量 (N)、千分之一當量 (mN)。
(8)重力加速度：*g*。

2、其他之縮寫：平均 (*av*)、大約 (*ca*)、直徑 (diam.)。

3、括號：括號字型全以半形 ( )，括號前後各空一格。

4、統計分析：達顯著性水準以*、**或處理間顯著差異區分，以 a、b、c、...表示者均應加註顯著機率值 *P* (例如 $P < 0.01$)；各統計量請採慣用符號，例如相關係數 (*r*) 、決定係數 (R^2)、變異係數 (cv)、標準差 (sd)、平均值標準差 (se) 等。

5、其他問題：
(1)單位與其前面數值之間應空一格，如 220 g。
(2)數學運算符號與其前後數值之間應各空一格，如 P = 0.014、23.6 ± 3.0、15 × 2。
(3)在±、×或 to 的前後兩數值若是含有單位，請用 23.6% ± 3.0%、15 cm × 2 cm、20℃ to 30℃ (即勿省略前面數值之單位)。
(4)數值起迄符號用– (全型破折號)，勿用~或-，且與前後兩數值之間無須留空格，如 3–6、2005–2007 年、7 月 20–25 日。
(5)年代一律用西元。

五、其他注意事項

1. 生物學名以斜體字表示，屬名第一字母大寫。學名於摘要、本文、每一圖表中第一次出現時，須寫全名，如 *Citrus sinensis*；第二次出現時，屬名保留第一字母後加句點 “.”，種名全寫，如 *C. sinensis*。生物學名於本文中首次出現時應加註命名者。
2. 中文稿件中，外文名詞應儘量翻譯成中文，若是不常見名詞應於文中第一次出現時以括號標出原文。摘要及本文中，英文縮寫於第一次出現時，須附全名。

六、投稿方式

1. 稿件內容務須依照上列規定格式書寫，本期刊編輯委員保有修改與退稿之權利。文稿經本期刊接受後，作者得送含文稿內容之磁片或電子檔案 (IBM 相容電腦之文書管理檔，如 Word 檔或其他) ，並由作者負責前二校。除筆誤與錯字外，作者在校稿時，不得擅自更改內容與數據。
2. 審稿程序請上網參閱本期刊「論文審查制度流程」，網址：http://www.tari.gov.tw/。

七、文稿必須是作者本身的著作，且作者為唯一的著作權擁有者，否則因此引發之法律責任將由作者負責。投稿應為未經刊登之文章，亦不得一稿多投。投稿需經所有作者同意。稿件經本期刊接受後，投稿人需繳交「著作權讓與書」，如未提供者，本期刊不予刊登。著作財產權屬農試所所有，非經本所書面同意，不得轉載或移轉他處發表。本期刊有權對文稿進行必要之詞句修改。

八、來稿經編審委員會審查合格後刊登，由本刊印贈抽印本 50 本；彩色頁印刷及抽印本加印費用由投稿人自行負擔。

九、其他未盡事宜本期刊得隨時修正或補充。

台　灣　農　業　研　究

（原中華農業研究）

第五十九卷　第二期

中華民國九十九年六月出版

發　行　人：劉　大　江

總　編　輯：方　尚　仁

主　　　編：吳　宜　晏　陳　盈　佑

編審委員：

生技組：吳　明　哲（主審）

作物組：歐　錫　坤（主審）
黃　肇　家　楊　純　明　施　昭　彰

農化組：郭　鴻　裕（主審）
簡　宣　裕　劉　滄　棽

植病組：安　寶　貞（主審）
鄧　汀　欽

應動組：王　清　玲（主審）
陳　健　忠

農工組：蔡　致　榮（主審）
黃　禮　棟

種原組：黃　勝　忠（主審）

農經組：張　采　蘋（主審）

花卉中心：謝　廷　芳（主審）

嘉義分所：楊　宏　仁（主審）

鳳山分所：陳　甘　澍（主審）

另聘請各大學院校及研究機關相關學者專家擔任審查委員

Vol. 59, No. 2 June, 2010

JOURNAL
OF
TAIWAN AGRICULTURAL RESEARCH
(Formerly Journal of Agricultural Research of China)

PUBLISHER: Liu, Dah-Jiang

EDITOR IN CHIEF: Fang, Shan-Jen

EDITORS:

Wu, Yi-Yan Chen, Ying-You

EDITORIAL BOARD:

Ann, Pao-Jen (Plant Pathology)

Chen, Kan-Shu (Tropical Horticulture)

Hsieh, Ting-Feng (Floriculture)

Ou, Shyi-Kuan (Crop Science)

Tsai, Wu-Hsiung (Subtropical Agriculture)

Wu, Min-Tze (Biotechnology)

Chang, Tsai-Ping (Agriculture Economics)

Guo, Horng-Yuh (Agriculture Chemistry)

Huang, Sheng-Chung (Crop Genetic Resources)

Tsai, Jyh-Rong (Agriculture Engineering)

Wang, Chin-Ling (Applied Zoology)

EDITORIAL ADVISORY BOARD:

Chen, Chien-Chung

Chien, Shiuah-Yuh

Deng, Ting-Chin

Huang, Chao-Chia

Huang, Li-Duhng

Liu, Tsang-Sen

Shih, Jau-Chang

Yang, Chwen-Ming

Yang, Hong-Ren

Reviewers of the related fields are also invited from universities and other research organizations.

台灣農業研究第五十九卷第二期

出 版 者：行政院農業委員會農業試驗所
發 行 人：劉大江
總 編 輯：方尚仁
地　　址：41362台中縣霧峰鄉萬豐村中正路189號
網　　址：http://www.tari.gov.tw
電　　話：(04)23302301
出版日期：中華民國九十九年六月三十日
定　　價：新臺幣一七五元
展 售 處：五南文化廣場　400台中市中山路6號
(04)22260330
國家書店松江門市　104台北市松江路209號1樓
(02)25180207
國家網路書店　http://www.govbooks.com.tw
承 印 者：學安文化事業有限公司
電　　話：(04)22861600

ISSN 0022-4847
GPN 2009500560

June, 2010

Journal of Taiwan Agricultural Research

(Formerly Journal of Agricultural Research of China)

Vol. 59, No. 2

Research Reports

A Simple and Inexpensive Technique for Estimating Leaf Surface Area of Muskmelon (*Cucumis melo* L.)
Hui-Chin Wu, Lit-Fu Chan, Meng-Li Wei, and Hsiu-Ying Lu 71

Study on Ploidy of *Musa formosana* (Warb.) Hayata in Taiwan
Hui-Lung Chiu, Long-Fang O. Chen, Chou-Tou Shii, and Yu-Chu Chang 78

Factors Influencing the Synonymous Codon Usage Bias in the Genes for Resistance to Bacterial Leaf Blight (*Xanthomonas oryza* pv. *oryza*) of Rice (*Oryza sativa*)
Meng-Li Wei, Yi-Han Chung, Chun-Tang Lu, and Hsiu-Ying Lu 86

Variation of Pericarp Thickness in Inbred Lines of Glutinous Corn
Guang-Jauh Shieh 103

Variation and Combining Ability of the Traits for Pericarp Thickness in Inbreds of Super-Sweet Corn
Shao-Kuo Liu and Guang-Jauh Shieh 112

Polysaccharides of *Tremella fuciformis* as a Diet for Improvement of Constipation in Rats
Kun-Chao Chen, Jhaol-Huei Wu, Jiunn-Wang Liao, and Shu-Hui Yang 126

Research Notes

Toxicity of Insecticides to *Scirtothrips dorsalis* Hood (Thysanoptera: Thripidae) on Mango
Yi-Chung Chiu, Feng-Chyi Lin, Hsien-Tzung Shih, and Chin-Ling Wang 134

ISSN 0022-4847

Published by Taiwan Agricultural Research Institute,
Council of Agriculture Taichung, Taiwan, Republic of China

行政院新聞局出版事業登記證局版臺省誌字第二九八號 中華郵政中臺字第〇三〇九登記為雜誌交寄

GPN 2009500560
定價：新台幣一七五元